STIC Search Report
Biotech-Chem Library

STIC Database Tracking Number: 210734

TO: Manjunath N Rao
Location: REM-2A01/2C70
Art Unit: 1652
Wednesday, December 20, 2006
Case Serial Number: 10/616101

From: Usha Shrestha
Location: Biotech-Chem Library
REM-1A64
Phone: (571)272-3519

Usha.shrestha@uspto.gov

Search Notes

Examiner Rao,

See attached results.

If you have any questions about this search feel free to contact me at any time.

Thank you for using STIC search services!

Usha Shrestha
Technical Information Specialist
STIC Biotech/Chem Library
(571)272-3519

Please do not change the order of pages when scanning. Thanks

Search and Information Resources Administration

— 12-759

210734

STIC-Biotech/ChemLib

From: Chan, Christina [redacted]
Sent: Monday, December 18, 2006 8:56 AM
77025
To: Rao, Manjunath N.; STIC-Biotech/ChemLib
Subject: RE: REquest for RUSH seqeunce search for case No. 10/616101

CRFE

Please rush. Thanks. Chris

Chris Chan
TC 1600 New Hire Training Coordinator and SPE 1644
(571)-272-0841
Remsen, 3E89

-----Original Message-----
From: Rao, Manjunath N.
Sent: Friday, December 15, 2006 2:23 PM
To: Chan, Christina
Subject: REquest for RUSH seqeunce search for case No. 10/616101

12/18 ✓

Hello Christina,

Please authorize the search request below as RUSH. The reason being this is an amended case and applicants have now included SEQ ID NO for the claimed polypeptides.

Many Thanks
-Manjunath

Manjunath N. Rao, Ph.D.
Primary Examiner, Art Unit 1652
Room 2A01, Remsen Bldg.
United States Patent and Trademark Office
400, Dulany St.
Alexandria, VA 22314
Phone:571-272-0939
Fax: 571-273-0939 2C70

1-3797na
2-3816na
3-1065aa
4-1240aa
LB

****
Searcher:_______________
Searcher Phone:____________
Date Searcher Picked up:_____
Date completed: 12-22-06
Searcher Prep Time:________
Online Time:______________

****
Type of Search
NA#_______ AA#:_______
S/L:\_____ Oligomer:_______
Encode/Transl:______________
Structure #:______Text:____
Inventor:_____ Litigation:___

****
Vendors and cost where applicable
STN:__________________
DIALOG:________________
QUESTEL/ORBIT:__________
LEXIS/NEXIS:____________
SEQUENCE SYSTEM:_______
WWW/Internet:___________
Other (Specify):__________

From: Manjunath N. Rao
Art Unit 1652, Room 2A01
Mail Box in Room 2C70
Phone: 272-0939

Date: 12-15-06

Please search the following as soon as possible for application with serial number 10/616101

1. SEQ ID NO: 1, 2 against all commercial nucleic acid sequence databases, issued patents/published applications nucleic acid sequence database and ~~pending~~ application nucleic acid sequence database. Please provide a print of results

2. SEQ ID NO: 3 and 4 against all commercial amino acid sequence databases, issued patents/published applications amino acid sequence database ~~and~~ pending application amino acid sequence database. Please provide a print of results.

If you have any questions please call me at the above phone number.

Thanks

****
Searcher:________________
Searcher Phone:____________
Date Searcher Picked up:_____
Date completed:____________
Searcher Prep Time:________
Online Time:______________

****
Type of Search
NA#_______ AA#:_______
S/L:______ Oligomer:_______
Encode/Transl:___________
Structure #:______Text:____
Inventor:_____ Litigation:___

****
Vendors and cost where applicable
STN:________________
DIALOG:______________
QUESTEL/ORBIT:__________
LEXIS/NEXIS:____________
SEQUENCE SYSTEM:_______
WWW/Internet:___________
Other (Specify):__________

Protein Sequence Searches - February 2005

All of the sequence databases on ABSS have recently been updated.

- Please note that the curators of the UniProt database have purged some temporary accession numbers from the most recent version of UniProt. These sequences have been assigned new permanent accession numbers. The new UniProt record may not contain the previous temporary accession number.

- If you encounter an accession number from an older search run against UniProt (results file extension **.rup**) that can no longer be found in the database, the permanent record with the new accession number can be found by searching the old accession number in the UniProt Protein Archive database (UniPARC) at:

  http://www.pir.uniprot.org/database/archive.shtml

If you have any questions regarding this information or your results, please contact any STIC searcher.

When submitting sequence search results for scanning into IFW, please include a copy of this attachment to assist any future Examiners or members of the public who may encounter UniProt temporary accession numbers.

November 2005

Published_Applications Nucleic Acid and Published_Applications Amino Acid database searches now generate two sets of results each. The Published_Applications databases have been split into two parts to reduce the amount of time required for their daily updates. This results in more machine time being available for processing searches.

Newly published applications will appear in the Published_Applications_New databases: older published applications make up the Published_Applications_Main databases.

Searches run against Nucleic Acid Published_Applications produce two sets of results, with the extensions **.rnpbm** (Published_Applications_NA_Main) and **.rnpbn** (Published_Applications_NA_New).
Searches run against Amino Acid Published_Applications produce two sets of results, with the extensions **.rapbm** (Published_Applications_AA_Main) and **.rapbn** (Published_Applications_AA_New).

```
                    GenCore version 5.1.9
             Copyright (c) 1993 - 2006 Biocceleration Ltd.


OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on:          December 18, 2006, 12:06:29 ; Search time 20529.6 Seconds
                                              (without alignments)
                                              11827.212 Million cell updates/sec

Title:           US-10-616-101-1
Perfect score:   3797
Sequence:        1 ctttgaagacactggatttc..........cctttgctgaaaaaaaaaa 3797

Scoring table:   IDENTITY_NUC
                 Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched:        6366136 seqs, 31973710525 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      12732272

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       GenEmbl:*
                 1:  gb_env:*
                 2:  gb_pat:*
                 3:  gb_ph:*
                 4:  gb_pl:*
                 5:  gb_pr:*
                 6:  gb_ro:*
                 7:  gb_sts:*
                 8:  gb_sy:*
                 9:  gb_un:*
                 10:  gb_vi:*
                 11:  gb_ov:*
                 12:  gb_htg:*
                 13:  gb_in:*
                 14:  gb_om:*
                 15:  gb_ba:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                                 SUMMARIES
                   %
Result           Query
  No.    Score   Match Length DB  ID                      Description
-------------------------------------------------------------------------------
    1     3797   100.0    3797  2  AR392872                AR392872 Sequence
    2     3797   100.0    3797  2  AR653623                AR653623 Sequence
    3   3393.4    89.4    3816  2  AR392873                AR392873 Sequence
    4   3393.4    89.4    3816  2  AR653624                AR653624 Sequence
    5   3388.8    89.2    4275  2  AR361486                AR361486 Sequence
    6   3388.8    89.2    6028  5  AF309033                AF309033 Homo sapi
    7   3388.8    89.2    6123  2  AX057579                AX057579 Sequence
    8   3387.2    89.2    3815  5  AF329696                AF329696 Homo sapi
    9   3387.2    89.2    4127  2  AX062241                AX062241 Sequence
   10   3387.2    89.2    4406  2  AX062247                AX062247 Sequence
   11   3387.2    89.2    4992  2  AX062275                AX062275 Sequence
   12   3387.2    89.2    5002  2  AX062273                AX062273 Sequence
   13   3387.2    89.2    5075  2  AR578380                AR578380 Sequence
   14   3387.2    89.2    5810  5  AF264912                AF264912 Homo sapi
   15   3387.2    89.2    6018  2  AR584137                AR584137 Sequence
   16   3387.2    89.2    6189  2  CQ896544                CQ896544 Sequence
   17   3387.2    89.2    6189  2  CS019687                CS019687 Sequence
   18   3387.2    89.2    6189  2  CS023798                CS023798 Sequence
```

```
   19  3387.2    89.2   6189  5  AF438201                AF438201 Homo sapi
   20    3386    89.2   3394  2  AR352002                AR352002 Sequence
   21    3386    89.2   3394  2  AX133694                AX133694 Sequence
   22  3382.8    89.1   4512  2  AR232161                AR232161 Sequence
   23  3382.8    89.1   4512  2  AX076213                AX076213 Sequence
   24  3338.4    87.9   4295  5  AF305081                AF305081 Homo sapi
   25  3300.4    86.9   3501  5  AF342982                AF342982 Homo sapi
   26    3297    86.8   3400  2  BD075726                BD075726 Potential
   27    3297    86.8   3400  2  AX029397                AX029397 Sequence
   28  3296.2    86.8   3508  2  AX062142                AX062142 Sequence
   29  3291.8    86.7   3498  2  AR232162                AR232162 Sequence
   30  3291.8    86.7   3498  2  AX076214                AX076214 Sequence
   31  2969.6    78.2   4493  2  AR361484                AR361484 Sequence
   32  2968.2    78.2   4297  2  AR361485                AR361485 Sequence
   33  2774.6    73.1   5005  2  AX052530                AX052530 Sequence
   34  2439.8    64.3   2971  2  AX062233                AX062233 Sequence
   35  2439.8    64.3   3353  2  AX062229                AX062229 Sequence
   36  2403.2    63.3   3930 11   AY142107                AY142107 Gallus ga
   37  2357.8    62.1   3799  2  AX062231                AX062231 Sequence
   38  1922.4    50.6   4130  5  HSM804989               AL833676 Homo sapi
   39  1839.8    48.5   4054  6  BC057370                BC057370 Mus muscu
   40  1813.4    47.8   3984  2  AX062144                AX062144 Sequence
   41  1813.4    47.8   4134  2  BD235110                BD235110 Tankyrase
   42  1813.4    47.8   4134  2  AR274521                AR274521 Sequence
   43  1813.4    47.8   4134  2  AR361487                AR361487 Sequence
   44  1813.4    47.8   4134  2  AX467061                AX467061 Sequence
   45  1813.4    47.8   4134  5  AF082556                AF082556 Homo sapi


                             ALIGNMENTS


RESULT 1
AR392872
LOCUS       AR392872              3797 bp    DNA     linear   PAT 18-DEC-2003
DEFINITION  Sequence 1 from patent US 6617102.
ACCESSION   AR392872
VERSION     AR392872.1  GI:40118097
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3797)
  AUTHORS   Luo,Y., Chan,E., Xu,X., Huang,B. and Ossovskaya,V.
  TITLE     Tankyrase H, compositions involved in the cell cycle and methods of
            use
  JOURNAL   Patent: US 6617102-A 1 09-SEP-2003;
            Rigel Pharmaceuticals, Inc.; South San Francisco, CA
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..3797
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"
ORIGIN

  Query Match             100.0%;  Score 3797;  DB 2;  Length 3797;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 3797;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 CTTTGAAGACACTGGATTTCATACTTTTGCCTGGGGTTATCTCTCTGTGTCTCACTACAT 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CTTTGAAGACACTGGATTTCATACTTTTGCCTGGGGTTATCTCTCTGTGTCTCACTACAT 60

Qy         61 AGACAAATATTAGCTGTGAGCAGATCTTTTTTTGTTGCTTCTTGTAGTCCCCCAGTTTAG 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 AGACAAATATTAGCTGTGAGCAGATCTTTTTTTGTTGCTTCTTGTAGTCCCCCAGTTTAG 120

Qy        121 CAGAAACATTCTGTGAGATAGATGTGGGAAAGGAATTCTAGCAAGAGTTTTGTCACTGTA 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CAGAAACATTCTGTGAGATAGATGTGGGAAAGGAATTCTAGCAAGAGTTTTGTCACTGTA 180

Qy        181 TCATAAGGTTGTGATTTACATATTTAAGTTTTATACTTTGAACATCTGAAAATGTATACA 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 TCATAAGGTTGTGATTTACATATTTAAGTTTTATACTTTGAACATCTGAAAATGTATACA 240
```

```
Qy        241 TACTAAATATGCAGAACTCTATTGTAGAGTGAGAAACATTTGAACTTTGAGCTTTCAGTC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 TACTAAATATGCAGAACTCTATTGTAGAGTGAGAAACATTTGAACTTTGAGCTTTCAGTC 300

Qy        301 ACTTATTTTGTATTCTTTCTTTGAGGTTAGCAGTAGTACCACCCAAGGCACTGCTTAGGT 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ACTTATTTTGTATTCTTTCTTTGAGGTTAGCAGTAGTACCACCCAAGGCACTGCTTAGGT 360

Qy        361 ACCACTGCTGCTTAGTGGAGAGTCCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 ACCACTGCTGCTTAGTGGAGAGTCCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGA 420

Qy        421 CGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCT 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCT 480

Qy        481 TATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 TATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCG 540

Qy        541 ACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGC 600

Qy        601 AATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCAT 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 AATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCAT 660

Qy        661 CCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCT 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCT 720

Qy        721 TACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 TACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAA 780

Qy        781 AATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTC 840

Qy        841 AACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 AACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCA 900

Qy        901 ACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 ACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTG 960

Qy        961 TTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGC 1020

Qy       1021 AATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGT 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 AATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGT 1080

Qy       1081 ATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAG 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 ATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAG 1140

Qy       1141 TGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGG 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 TGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGG 1200

Qy       1201 CCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 CCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTC 1260

Qy       1261 TCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 TCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGC 1320

Qy       1321 TGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 TGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAA 1380

Qy       1381 CATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCA 1440

Qy       1441 TAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCT 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 TAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCT 1500

Qy       1501 TGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACT 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 TGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACT 1560

Qy       1561 CCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGAT 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGAT 1620

Qy       1621 GGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGC 1680

Qy       1681 AGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTG 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 AGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTG 1740

Qy       1741 TACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTT 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTT 1800

Qy       1801 TGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGT 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 TGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGT 1860

Qy       1861 GCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTA 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTA 1920

Qy       1921 TGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAA 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 TGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAA 1980

Qy       1981 ATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 ATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCT 2040

Qy       2041 CCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGT 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGT 2100

Qy       2101 TAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 TAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGC 2160

Qy       2161 TGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTG 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 TGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTG 2220

Qy       2221 CCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTT 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 CCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTT 2280

Qy       2281 AGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGG 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 AGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGG 2340

Qy       2341 ACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAAT 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 ACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAAT 2400

Qy       2401 AAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGC 2460
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2401 AAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGC 2460

Qy          2461 AGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGAC 2520
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2461 AGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGAC 2520

Qy          2521 TCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGC 2580
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2521 TCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGC 2580

Qy          2581 TCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCT 2640
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2581 TCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCT 2640

Qy          2641 CAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCC 2700
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2641 CAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCC 2700

Qy          2701 ATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTC 2760
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2701 ATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTC 2760

Qy          2761 TTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCC 2820
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2761 TTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCC 2820

Qy          2821 AGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGA 2880
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2821 AGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGA 2880

Qy          2881 TATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCT 2940
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2881 TATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCT 2940

Qy          2941 GAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAG 3000
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2941 GAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAG 3000

Qy          3001 ACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGG 3060
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3001 ACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGG 3060

Qy          3061 AACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGAT 3120
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3061 AACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGAT 3120

Qy          3121 GCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATA 3180
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3121 GCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATA 3180

Qy          3181 CAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCG 3240
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3181 CAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCG 3240

Qy          3241 GAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGG 3300
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3241 GAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGG 3300

Qy          3301 GTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGG 3360
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3301 GTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGG 3360

Qy          3361 TGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGT 3420
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3361 TGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGT 3420

Qy          3421 ATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTG 3480
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3421 ATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTG 3480

Qy          3481 CCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGC 3540
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db          3481 CCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGC 3540

Qy          3541 AATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAA 3600
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3541 AATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAA 3600

Qy          3601 TGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTT 3660
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3601 TGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTT 3660

Qy          3661 AATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAG 3720
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3661 AATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAG 3720

Qy          3721 AAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCT 3780
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3721 AAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCT 3780

Qy          3781 TTGCTGAAAAAAAAAAA 3797
                 |||||||||||||||||
Db          3781 TTGCTGAAAAAAAAAAA 3797


RESULT 2
AR653623
LOCUS       AR653623                3797 bp    DNA     linear   PAT 13-JUN-2005
DEFINITION  Sequence 1 from patent US 6887675.
ACCESSION   AR653623
VERSION     AR653623.1  GI:67584112
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3797)
  AUTHORS   Luo,Y., Chan,E., Xu,X., Huang,B. and Ossovskaya,V.
  TITLE     Tankyrase H, compositions involved in the cell cycle and methods of
            use
  JOURNAL   Patent: US 6887675-A 1 03-MAY-2005;
            Rigel Pharmaceuticals, Inc.; South San Francisco, CA
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..3797
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"
ORIGIN

  Query Match             100.0%;  Score 3797;  DB 2;  Length 3797;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 3797;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy             1 CTTTGAAGACACTGGATTTCATACTTTTGCCTGGGGTTATCTCTCTGTGTCTCACTACAT 60
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db             1 CTTTGAAGACACTGGATTTCATACTTTTGCCTGGGGTTATCTCTCTGTGTCTCACTACAT 60

Qy            61 AGACAAATATTAGCTGTGAGCAGATCTTTTTTTGTTGCTTCTTGTAGTCCCCCAGTTTAG 120
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            61 AGACAAATATTAGCTGTGAGCAGATCTTTTTTTGTTGCTTCTTGTAGTCCCCCAGTTTAG 120

Qy           121 CAGAAACATTCTGTGAGATAGATGTGGGAAAGGAATTCTAGCAAGAGTTTTGTCACTGTA 180
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           121 CAGAAACATTCTGTGAGATAGATGTGGGAAAGGAATTCTAGCAAGAGTTTTGTCACTGTA 180

Qy           181 TCATAAGGTTGTGATTTACATATTTAAGTTTTATACTTTGAACATCTGAAAATGTATACA 240
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           181 TCATAAGGTTGTGATTTACATATTTAAGTTTTATACTTTGAACATCTGAAAATGTATACA 240

Qy           241 TACTAAATATGCAGAACTCTATTGTAGAGTGAGAAACATTTGAACTTTGAGCTTTCAGTC 300
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           241 TACTAAATATGCAGAACTCTATTGTAGAGTGAGAAACATTTGAACTTTGAGCTTTCAGTC 300

Qy           301 ACTTATTTTGTATTCTTTCTTTGAGGTTAGCAGTAGTACCACCCAAGGCACTGCTTAGGT 360
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           301 ACTTATTTTGTATTCTTTCTTTGAGGTTAGCAGTAGTACCACCCAAGGCACTGCTTAGGT 360
```

```
Qy    361 ACCACTGCTGCTTAGTGGAGAGTCCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGA 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 ACCACTGCTGCTTAGTGGAGAGTCCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGA 420

Qy    421 CGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCT 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 CGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCT 480

Qy    481 TATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCG 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 TATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCG 540

Qy    541 ACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 ACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGC 600

Qy    601 AATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCAT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 AATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCAT 660

Qy    661 CCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 CCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCT 720

Qy    721 TACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAA 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 TACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAA 780

Qy    781 AATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTC 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 AATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTC 840

Qy    841 AACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCA 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 AACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCA 900

Qy    901 ACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTG 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 ACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTG 960

Qy    961 TTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGC 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 TTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGC 1020

Qy   1021 AATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 AATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGT 1080

Qy   1081 ATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 ATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAG 1140

Qy   1141 TGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGG 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 TGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGG 1200

Qy   1201 CCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTC 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 CCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTC 1260

Qy   1261 TCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGC 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 TCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGC 1320

Qy   1321 TGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAA 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 TGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAA 1380

Qy   1381 CATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCA 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 CATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCA 1440

Qy   1441 TAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCT 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 TAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCT 1500

Qy   1501 TGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACT 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 TGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACT 1560

Qy   1561 CCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGAT 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 CCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGAT 1620

Qy   1621 GGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGC 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 GGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGC 1680

Qy   1681 AGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTG 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 AGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTG 1740

Qy   1741 TACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTT 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 TACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTT 1800

Qy   1801 TGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGT 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 TGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGT 1860

Qy   1861 GCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTA 1920

Qy   1921 TGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAA 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 TGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAA 1980

Qy   1981 ATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCT 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 ATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCT 2040

Qy   2041 CCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGT 2100

Qy   2101 TAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 TAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGC 2160

Qy   2161 TGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTG 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 TGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTG 2220

Qy   2221 CCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTT 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 CCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTT 2280

Qy   2281 AGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGG 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 AGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGG 2340

Qy   2341 ACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAAT 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 ACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAAT 2400

Qy   2401 AAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGC 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 AAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGC 2460

Qy   2461 AGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGAC 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 AGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGAC 2520

Qy   2521 TCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGC 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2521 TCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGC 2580

Qy          2581 TCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCT 2640
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2581 TCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCT 2640

Qy          2641 CAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCC 2700
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2641 CAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCC 2700

Qy          2701 ATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTC 2760
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2701 ATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTC 2760

Qy          2761 TTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCC 2820
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2761 TTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCC 2820

Qy          2821 AGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGA 2880
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2821 AGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGA 2880

Qy          2881 TATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCT 2940
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2881 TATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCT 2940

Qy          2941 GAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAG 3000
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2941 GAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAG 3000

Qy          3001 ACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGG 3060
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3001 ACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGG 3060

Qy          3061 AACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGAT 3120
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3061 AACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGAT 3120

Qy          3121 GCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATA 3180
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3121 GCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATA 3180

Qy          3181 CAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCG 3240
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3181 CAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCG 3240

Qy          3241 GAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGG 3300
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3241 GAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGG 3300

Qy          3301 GTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGG 3360
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3301 GTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGG 3360

Qy          3361 TGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGT 3420
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3361 TGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGT 3420

Qy          3421 ATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTG 3480
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3421 ATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTG 3480

Qy          3481 CCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGC 3540
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3481 CCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGC 3540

Qy          3541 AATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAA 3600
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3541 AATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAA 3600

Qy          3601 TGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTT 3660
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3601 TGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTT 3660

Qy          3661 AATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAG 3720
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3661 AATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAG 3720

Qy          3721 AAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCT 3780
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3721 AAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCT 3780

Qy          3781 TTGCTGAAAAAAAAAAA 3797
                 |||||||||||||||||
Db          3781 TTGCTGAAAAAAAAAAA 3797


RESULT 3
AR392873
LOCUS       AR392873                3816 bp    DNA     linear   PAT 18-DEC-2003
DEFINITION  Sequence 2 from patent US 6617102.
ACCESSION   AR392873
VERSION     AR392873.1  GI:40118098
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3816)
  AUTHORS   Luo,Y., Chan,E., Xu,X., Huang,B. and Ossovskaya,V.
  TITLE     Tankyrase H, compositions involved in the cell cycle and methods of
            use
  JOURNAL   Patent: US 6617102-A 2 09-SEP-2003;
            Rigel Pharmaceuticals, Inc.; South San Francisco, CA
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .3816
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"
ORIGIN

  Query Match             89.4%;  Score 3393.4;  DB 2;  Length 3816;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3394;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy           403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db           422 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 481

Qy           463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           482 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 541

Qy           523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           542 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 601

Qy           583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           602 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 661

Qy           643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           662 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 721

Qy           703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           722 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 781

Qy           763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           782 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 841

Qy           823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           842 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 901

Qy           883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      902 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 961

Qy      943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      962 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1021

Qy     1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1022 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1081

Qy     1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1082 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1141

Qy     1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1142 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1201

Qy     1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1202 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1261

Qy     1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1262 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1321

Qy     1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1322 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1381

Qy     1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1382 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1441

Qy     1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1442 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1501

Qy     1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1502 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1561

Qy     1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1562 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1621

Qy     1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1622 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1681

Qy     1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1682 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1741

Qy     1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1742 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1801

Qy     1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1802 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1861

Qy     1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1862 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1921

Qy     1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1922 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1981

Qy     1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db     1982 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2041

Qy     2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2042 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2101

Qy     2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2102 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2161

Qy     2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2162 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2221

Qy     2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2222 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2281

Qy     2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2282 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2341

Qy     2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2342 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2401

Qy     2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2402 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2461

Qy     2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2462 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2521

Qy     2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2522 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2581

Qy     2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2582 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2641

Qy     2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2642 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2701

Qy     2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2702 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2761

Qy     2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2762 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2821

Qy     2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2822 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2881

Qy     2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2882 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2941

Qy     2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2942 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3001

Qy     2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3002 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3061

Qy     3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3062 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3121
```

```
Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3122 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3181

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3182 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3241

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3242 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3301

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3302 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3361

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3362 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3421

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3422 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3481

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3482 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3541

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3542 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3601

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3602 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3661

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3662 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3721

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3722 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3781

Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3797
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3782 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3816
```

```
RESULT 4
AR653624
LOCUS       AR653624                3816 bp    DNA     linear   PAT 13-JUN-2005
DEFINITION  Sequence 2 from patent US 6887675.
ACCESSION   AR653624
VERSION     AR653624.1  GI:67584113
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3816)
  AUTHORS   Luo,Y., Chan,E., Xu,X., Huang,B. and Ossovskaya,V.
  TITLE     Tankyrase H, compositions involved in the cell cycle and methods of
            use
  JOURNAL   Patent: US 6887675-A 2 03-MAY-2005;
            Rigel Pharmaceuticals, Inc.; South San Francisco, CA
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..3816
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"
ORIGIN

  Query Match             89.4%;  Score 3393.4;  DB 2;  Length 3816;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3394;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db        422 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 481

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        482 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 541

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        542 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 601

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        602 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 661

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        662 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 721

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        722 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 781

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        782 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 841

Qy        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        842 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 901

Qy        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        902 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 961

Qy        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        962 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1021

Qy       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1022 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1081

Qy       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1082 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1141

Qy       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1142 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1201

Qy       1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1202 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1261

Qy       1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1262 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1321

Qy       1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1322 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1381

Qy       1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1382 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1441

Qy       1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1442 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1501

Qy   1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1502 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1561

Qy   1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1562 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1621

Qy   1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1622 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1681

Qy   1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1682 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1741

Qy   1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1742 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1801

Qy   1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1802 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1861

Qy   1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1862 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1921

Qy   1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1922 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1981

Qy   1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1982 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2041

Qy   2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2042 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2101

Qy   2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2102 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2161

Qy   2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2162 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2221

Qy   2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2222 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2281

Qy   2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2282 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2341

Qy   2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2342 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2401

Qy   2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2402 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2461

Qy   2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2462 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2521

Qy   2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2522 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2581
```

```
Qy   2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2582 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2641

Qy   2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2642 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2701

Qy   2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2702 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2761

Qy   2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2762 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2821

Qy   2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2822 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2881

Qy   2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2882 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2941

Qy   2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2942 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3001

Qy   2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3002 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3061

Qy   3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3062 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3121

Qy   3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3122 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3181

Qy   3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3182 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3241

Qy   3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3242 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3301

Qy   3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3302 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3361

Qy   3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3362 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3421

Qy   3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3422 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3481

Qy   3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3482 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3541

Qy   3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3542 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3601

Qy   3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3602 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3661
```

```
Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3662 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3721

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3722 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3781

Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3797
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3782 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3816


RESULT 5
AR361486
LOCUS       AR361486                4275 bp    DNA     linear   PAT 17-AUG-2003
DEFINITION  Sequence 5 from patent US 6599728.
ACCESSION   AR361486
VERSION     AR361486.1  GI:33769334
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4275)
  AUTHORS   Morin,G.B., Funk,W.D. and Piatyszek,M.A.
  TITLE     Second mammalian tankyrase
  JOURNAL   Patent: US 6599728-A 5 29-JUL-2003;
            Geron Corporation; Menlo Park, CA
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..4275
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"
ORIGIN

  Query Match            89.2%;  Score 3388.8;  DB 2;  Length 4275;
  Best Local Similarity  99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3390;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db        481 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 540

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 600

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 660

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 720

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 780

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 840

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 900

Qy        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 960

Qy        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 1020
```

```
Qy        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1080

Qy       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1140

Qy       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1200

Qy       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1260

Qy       1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1320

Qy       1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1380

Qy       1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1440

Qy       1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1500

Qy       1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1560

Qy       1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1620

Qy       1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1680

Qy       1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1740

Qy       1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1800

Qy       1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1860

Qy       1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1920

Qy       1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1980

Qy       1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2040

Qy       1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2100
```

```
Qy          2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db          2101 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2160

Qy          2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2161 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2220

Qy          2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2221 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2280

Qy          2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2281 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2340

Qy          2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2341 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2400

Qy          2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2401 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2460

Qy          2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2461 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2520

Qy          2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2521 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2580

Qy          2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2581 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2640

Qy          2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2641 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2700

Qy          2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2701 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2760

Qy          2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2761 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2820

Qy          2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2821 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2880

Qy          2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2881 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2940

Qy          2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2941 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 3000

Qy          2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3001 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3060

Qy          2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3061 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3120

Qy          3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3121 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3180

Qy          3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3181 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3240

Qy          3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3241 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3300

Qy          3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3301 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3360

Qy          3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3361 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3420

Qy          3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3421 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3480

Qy          3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3481 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3540

Qy          3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3541 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3600

Qy          3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3601 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3660

Qy          3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3661 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3720

Qy          3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3721 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3780

Qy          3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3781 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3840

Qy          3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA- 3794
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3841 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3872


RESULT 6
AF309033
LOCUS       AF309033                6028 bp    mRNA    linear   PRI 31-JUL-2001
DEFINITION  Homo sapiens tankyrase-2 (TNKS-2) mRNA, complete cds.
ACCESSION   AF309033
VERSION     AF309033.1  GI:15042551
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 6028)
  AUTHORS   Chi,N.-W. and Lodish,H.F.
  TITLE     A novel homolog of Tankyrase
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 6028)
  AUTHORS   Chi,N.-W. and Lodish,H.F.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (27-SEP-2000) Whitehead Institute for Biomedical
            Research, 9 Cambridge Center, Cambridge, MA 02142, USA
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .6028
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /chromosome="10"
                     /map="10q23.1"
                     /note="STS WI-16054"
     gene            1. .6028
                     /gene="TNKS-2"
     CDS             252. .3752
                     /gene="TNKS-2"
                     /note="poly(ADP-ribose) polymerase containing ankyrin
                     repeats and SAM (sterile alpha module) motif"
                     /codon_start=1
                     /product="tankyrase-2"
                     /protein_id="AAK82330.1"
                     /db_xref="GI:15042552"
                     /translation="MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLV
                     TPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFG
                     HAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTA
                     LDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLA
                     AGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLW
                     QFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHS
                     LLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGAN
                     INEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCR
                     LLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETV
                     KKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNA
                     CSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRD
                     GNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTP
                     LHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNA
                     TDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAM
                     PPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVS
                     SSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKE
                     IGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEM
                     QSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLF
                     HGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRS
                     CYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQ
                     AYPEYLITYQIMRPEGMVDG"
     polyA_signal    6010. .6015
                     /gene="TNKS-2"
ORIGIN

  Query Match            89.2%;  Score 3388.8;  DB 5;  Length 6028;
  Best Local Similarity  99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3390;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db        449 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 508

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        509 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 568

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        569 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 628

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        629 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 688

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        689 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 748

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        749 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 808

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        809 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 868

Qy        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        869 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 928

Qy        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        929 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 988

Qy        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        989 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1048

Qy       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1049 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1108

Qy       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1109 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1168

Qy       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1169 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1228

Qy       1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1229 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1288

Qy       1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1289 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1348

Qy       1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1349 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1408

Qy       1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1409 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1468

Qy       1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1469 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1528

Qy       1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1529 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1588

Qy       1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1589 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1648

Qy       1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1649 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1708

Qy       1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1709 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1768

Qy       1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1769 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1828

Qy       1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1829 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1888

Qy       1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1889 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1948

Qy       1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1949 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2008
```

```
Qy       1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2009 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2068

Qy       2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db       2069 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2128

Qy       2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2129 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2188

Qy       2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2189 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2248

Qy       2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2249 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2308

Qy       2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2309 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2368

Qy       2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2369 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2428

Qy       2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2429 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2488

Qy       2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2489 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2548

Qy       2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2549 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2608

Qy       2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2609 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2668

Qy       2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2669 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2728

Qy       2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2729 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2788

Qy       2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2789 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2848

Qy       2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2849 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2908

Qy       2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2909 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2968

Qy       2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2969 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3028

Qy       2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3029 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3088

Qy       3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3089 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3148

Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3149 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3208

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3209 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3268

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3269 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3328

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3329 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3388

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3389 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3448

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3449 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3508

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3509 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3568

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3569 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3628

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3629 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3688

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3689 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3748

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3749 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3808

Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3809 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3840
```

```
RESULT 7
AX057579
LOCUS       AX057579                6123 bp    DNA     linear   PAT 17-JAN-2001
DEFINITION  Sequence 2 from Patent WO0077225.
ACCESSION   AX057579
VERSION     AX057579.1  GI:12310301
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Chi,N.W. and Lodish,H.F.
  TITLE     A novel insulin signaling molecule
  JOURNAL   Patent: WO 0077225-A 2 21-DEC-2000;
            WHITEHEAD INSTITUTE FOR BIOMEDICAL RESEARCH (US) ; THE GENERAL
            HOSPITAL CORPORATION (US)
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .6123
```

```
                    /organism="Homo sapiens"
                    /mol_type="unassigned DNA"
                    /db_xref="taxon:9606"
ORIGIN

  Query Match             89.2%;  Score 3388.8;  DB 2;  Length 6123;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3390;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Db        449 AGGTTTTGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 508

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        509 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 568

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        569 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 628

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        629 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 688

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        689 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 748

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        749 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 808

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        809 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 868

Qy        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        869 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 928

Qy        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        929 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 988

Qy        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        989 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1048

Qy       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1049 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1108

Qy       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1109 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1168

Qy       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1169 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1228

Qy       1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1229 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1288

Qy       1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1289 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1348

Qy       1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1349 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1408

Qy       1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1409 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1468

Qy       1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1469 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1528

Qy       1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1529 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1588

Qy       1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1589 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1648

Qy       1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1649 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1708

Qy       1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1709 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1768

Qy       1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1769 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1828

Qy       1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1829 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1888

Qy       1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1889 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1948

Qy       1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1949 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2008

Qy       1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2009 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2068

Qy       2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db       2069 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2128

Qy       2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2129 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2188

Qy       2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2189 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2248

Qy       2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2249 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2308

Qy       2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2309 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2368

Qy       2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2369 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2428

Qy       2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2429 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2488

Qy       2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2489 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2548

Qy          2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2549 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2608

Qy          2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2609 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2668

Qy          2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2669 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2728

Qy          2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2729 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2788

Qy          2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2789 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2848

Qy          2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2849 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2908

Qy          2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2909 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2968

Qy          2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2969 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3028

Qy          2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3029 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3088

Qy          3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3089 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3148

Qy          3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3149 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3208

Qy          3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3209 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3268

Qy          3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3269 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3328

Qy          3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3329 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3388

Qy          3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3389 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3448

Qy          3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3449 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3508

Qy          3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3509 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3568

Qy          3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3569 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3628

Qy          3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3629 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3688

Qy          3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3689 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3748

Qy          3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3749 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3808

Qy          3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3809 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3840
```

```
RESULT 8
AF329696
LOCUS       AF329696                3815 bp    mRNA    linear   PRI 14-MAY-2001
DEFINITION  Homo sapiens tankyrase 2 mRNA, complete cds.
ACCESSION   AF329696
VERSION     AF329696.1  GI:13161041
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3815)
  AUTHORS   Lyons,R.J., Deane,R., Lynch,D.K., Ye,Z.S., Sanderson,G.M.,
            Eyre,H.J., Sutherland,G.R. and Daly,R.J.
  TITLE     Identification of a novel human tankyrase through its interaction
            with the adaptor protein Grb14
  JOURNAL   J. Biol. Chem. 276 (20), 17172-17180 (2001)
   PUBMED   11278563
REFERENCE   2  (bases 1 to 3815)
  AUTHORS   Lyons,R.J., Deane,R., Lynch,D.K., Ye,Z.-S.J., Sanderson,G.M.,
            Eyre,H.J., Sutherland,G.R. and Daly,R.J.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (17-DEC-2000) Cancer Research, Garvan Institute of
            Medical Research, 384 Victoria St., Sydney, NSW 2010, Australia
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .3815
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /chromosome="10"
                     /map="10q23.2"
     CDS             140. .3640
                     /codon_start=1
                     /product="tankyrase 2"
                     /protein_id="AAK13463.1"
                     /db_xref="GI:13161042"
                     /translation="MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLV
                     TPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFG
                     HAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTA
                     LDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLA
                     AGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLW
                     QFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHS
                     LLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGAN
                     INEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCR
                     LLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETV
                     KKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNA
                     CSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRD
                     GNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTP
                     LHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNA
                     TDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAM
                     PPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVS
                     SSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKE
                     IGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEM
                     QSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLF
                     HGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRS
                     CYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQ
                     AYPEYLITYQIMRPEGMVDG"
ORIGIN

  Query Match             89.2%;  Score 3387.2;  DB 5;  Length 3815;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db       337 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 396

Qy       463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       397 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 456

Qy       523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       457 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 516

Qy       583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       517 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 576

Qy       643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       577 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 636

Qy       703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       637 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 696

Qy       763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       697 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 756

Qy       823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       757 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 816

Qy       883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       817 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 876

Qy       943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       877 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 936

Qy      1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       937 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 996

Qy      1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       997 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1056

Qy      1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1057 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1116

Qy      1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1117 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1176

Qy      1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1177 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1236

Qy      1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1237 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1296

Qy      1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1297 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1356

Qy      1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1357 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1416

Qy      1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1417 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1476

Qy      1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1477 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1536

Qy      1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1537 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1596

Qy      1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1597 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1656

Qy      1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1657 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1716

Qy      1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1717 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1776

Qy      1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1777 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1836

Qy      1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1837 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1896

Qy      1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1897 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 1956

Qy      2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db      1957 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2016

Qy      2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2017 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2076

Qy      2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2077 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2136

Qy      2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2137 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2196

Qy      2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2197 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2256

Qy      2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2257 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2316

Qy      2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2317 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2376
```

```
Qy      2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2377 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2436

Qy      2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2437 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2496

Qy      2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2497 AGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2556

Qy      2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2557 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2616

Qy      2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2617 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2676

Qy      2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2677 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2736

Qy      2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2737 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2796

Qy      2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2797 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2856

Qy      2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2857 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2916

Qy      2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2917 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 2976

Qy      3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2977 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3036

Qy      3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3037 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3096

Qy      3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3097 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3156

Qy      3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3157 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3216

Qy      3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3217 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3276

Qy      3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3277 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3336

Qy      3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3337 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3396

Qy      3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3397 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3456

Qy      3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3457 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3516

Qy      3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3517 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3576

Qy      3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3577 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3636

Qy      3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3637 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3696

Qy      3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
             ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3697 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3728
```

```
RESULT 9
AX062241
LOCUS       AX062241                4127 bp    DNA     linear   PAT 24-JAN-2001
DEFINITION  Sequence 100 from Patent WO0100849.
ACCESSION   AX062241
VERSION     AX062241.1  GI:12540142
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Christenson,E., Demaggio,A.J., Goldman,P.S. and Mcelligott,D.L.
  TITLE     Tankyrase2 materials and methods
  JOURNAL   Patent: WO 0100849-A 100 04-JAN-2001;
            ICOS CORPORATION (US)
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..4127
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="unassigned DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
     CDS             <2..3511
                     /note="unnamed protein product"
                     /codon_start=1
                     /protein_id="CAC25060.1"
                     /db_xref="GI:12540143"
                     /translation="ARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVK
                     RLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNAC
                     SFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDG
                     RTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPL
                     HLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAM
                     DLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFK
                     GHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRK
                     GANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQ
                     TCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDV
                     ETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPL
                     HNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKK
                     NRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRH
                     STPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNAC
                     VNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLT
                     AAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSS
                     VVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKE
                     LKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVE
                     EEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANER
                     MLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHK
                     DRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYR
                     GEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG"
     3'UTR           3509..4127
ORIGIN

  Query Match             89.2%;  Score 3387.2;  DB 2;  Length 4127;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
```

```
 Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db        208 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 267

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        268 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 327

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        328 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 387

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        388 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 447

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        448 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 507

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        508 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 567

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        568 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 627

Qy        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        628 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 687

Qy        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        688 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 747

Qy        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        748 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 807

Qy       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        808 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 867

Qy       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        868 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 927

Qy       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        928 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 987

Qy       1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        988 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1047

Qy       1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1048 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1107

Qy       1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1108 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1167

Qy       1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1168 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1227

Qy       1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1228 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1287
```

```
Qy       1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1288 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1347

Qy       1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1348 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1407

Qy       1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1408 CTTTACTGCTTTACAGATGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1467

Qy       1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1468 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1527

Qy       1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1528 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1587

Qy       1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1588 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1647

Qy       1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1648 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1707

Qy       1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1708 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1767

Qy       1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1768 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 1827

Qy       2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db       1828 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 1887

Qy       2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1888 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 1947

Qy       2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1948 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2007

Qy       2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2008 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2067

Qy       2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2068 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2127

Qy       2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2128 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2187

Qy       2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2188 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2247

Qy       2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2248 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2307

Qy       2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2308 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2367
```

```
Qy       2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
              ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2368 AGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2427

Qy       2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2428 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2487

Qy       2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2488 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2547

Qy       2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2548 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2607

Qy       2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2608 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2667

Qy       2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2668 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2727

Qy       2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2728 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2787

Qy       2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2788 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 2847

Qy       3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2848 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 2907

Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2908 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 2967

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2968 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3027

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3028 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3087

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3088 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3147

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3148 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3207

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3208 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3267

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3268 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3327

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3328 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3387

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3388 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3447

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3448 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3507

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3508 ATAAATAGTTATTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3567

Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3568 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3599


RESULT 10
AX062247
LOCUS       AX062247                4406 bp    DNA     linear   PAT 24-JAN-2001
DEFINITION  Sequence 106 from Patent WO0100849.
ACCESSION   AX062247
VERSION     AX062247.1  GI:12540148
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Christenson,E., Demaggio,A.J., Goldman,P.S. and Mcelligott,D.L.
  TITLE     Tankyrase2 materials and methods
  JOURNAL   Patent: WO 0100849-A 106 04-JAN-2001;
            ICOS CORPORATION (US)
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .4406
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="unassigned DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
     CDS             <2. .3790
                     /note="unnamed protein product"
                     /codon_start=1
                     /protein_id="CAC25062.1"
                     /db_xref="GI:12540149"
                     /translation="ELAGGALPASAAASFQDPDGGFALPPPPRGSRGAGSPARGARGR
                     GHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLLRLLALLLAVAAARIMSGRRC
                     AGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHF
                     AAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDN
                     WNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE
                     LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVH
                     AKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLL
                     LSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLE
                     MVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAH
                     NDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTAL
                     QMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQST
                     PLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVN
                     VADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLR
                     GDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHG
                     ADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQL
                     CALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSP
                     GATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDF
                     SITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLI
                     SGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRY
                     NILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAY
                     IGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFL
                     QFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG
                     "
ORIGIN

  Query Match             89.2%;  Score 3387.2;  DB 2;  Length 4406;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db        487 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 546

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         547 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 606

Qy         523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         607 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 666

Qy         583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         667 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 726

Qy         643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         727 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 786

Qy         703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         787 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 846

Qy         763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         847 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 906

Qy         823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         907 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 966

Qy         883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         967 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 1026

Qy         943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1027 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1086

Qy        1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1087 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1146

Qy        1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1147 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1206

Qy        1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1207 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1266

Qy        1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1267 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1326

Qy        1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1327 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1386

Qy        1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1387 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1446

Qy        1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1447 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1506

Qy        1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1507 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1566

Qy        1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1567 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1626

Qy        1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1627 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1686

Qy        1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1687 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1746

Qy        1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1747 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1806

Qy        1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1807 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1866

Qy        1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1867 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1926

Qy        1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1927 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1986

Qy        1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1987 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2046

Qy        1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2047 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2106

Qy        2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db        2107 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2166

Qy        2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2167 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2226

Qy        2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2227 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2286

Qy        2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2287 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2346

Qy        2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2347 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2406

Qy        2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2407 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2466

Qy        2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2467 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2526

Qy        2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2527 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2586

Qy        2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2587 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2646

Qy        2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
               ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2647 AGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2706

Qy        2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2707 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2766
```

```
Qy       2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2767 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2826

Qy       2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2827 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2886

Qy       2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2887 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2946

Qy       2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2947 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 3006

Qy       2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3007 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3066

Qy       2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3067 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3126

Qy       3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3127 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3186

Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3187 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3246

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3247 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3306

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3307 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3366

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3367 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3426

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3427 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3486

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3487 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3546

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3547 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3606

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3607 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3666

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3667 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3726

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3727 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3786

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3787 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3846
```

```
Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3847 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3878


RESULT 11
AX062275
LOCUS       AX062275                4992 bp    DNA     linear   PAT 24-JAN-2001
DEFINITION  Sequence 134 from Patent WO0100849.
ACCESSION   AX062275
VERSION     AX062275.1  GI:12540176
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Christenson,E., Demaggio,A.J., Goldman,P.S. and Mcelligott,D.L.
  TITLE     Tankyrase2 materials and methods
  JOURNAL   Patent: WO 0100849-A 134 04-JAN-2001;
            ICOS CORPORATION (US)
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .4992
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="unassigned DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
     CDS             876. .4376
                     /note="unnamed protein product"
                     /codon_start=1
                     /protein_id="CAC25067.1"
                     /db_xref="GI:12540177"
                     /translation="MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLV
                     TPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFG
                     HAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTA
                     LDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLA
                     AGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLW
                     QFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHS
                     LLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGAN
                     INEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCR
                     LLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETV
                     KKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNA
                     CSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRD
                     GNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTP
                     LHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNA
                     TDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAM
                     PPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVS
                     SSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKE
                     IGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEM
                     QSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLF
                     HGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRS
                     CYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQ
                     AYPEYLITYQIMRPEGMVDG"
ORIGIN

  Query Match             89.2%;  Score 3387.2;  DB 2;  Length 4992;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db       1073 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 1132

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1133 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 1192

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1193 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 1252

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1253 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 1312

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1313 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 1372

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1373 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 1432

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1433 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 1492

Qy        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1493 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 1552

Qy        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1553 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 1612

Qy        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1613 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1672

Qy       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1673 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1732

Qy       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1733 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1792

Qy       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1793 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1852

Qy       1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1853 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1912

Qy       1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1913 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1972

Qy       1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1973 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 2032

Qy       1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2033 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 2092

Qy       1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2093 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 2152

Qy       1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2153 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 2212

Qy       1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2213 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 2272

Qy       1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2273 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 2332

Qy       1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2333 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 2392
```

```
Qy       1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2393 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 2452

Qy       1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2453 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 2512

Qy       1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2513 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 2572

Qy       1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2573 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2632

Qy       1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2633 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2692

Qy       2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db       2693 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2752

Qy       2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2753 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2812

Qy       2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2813 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2872

Qy       2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2873 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2932

Qy       2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2933 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2992

Qy       2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2993 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 3052

Qy       2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3053 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 3112

Qy       2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3113 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 3172

Qy       2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3173 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 3232

Qy       2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
              ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3233 AGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 3292

Qy       2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3293 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 3352

Qy       2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3353 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 3412

Qy       2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3413 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 3472
```

```
Qy       2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3473 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 3532

Qy       2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3533 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 3592

Qy       2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3593 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3652

Qy       2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3653 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3712

Qy       3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3713 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3772

Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3773 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3832

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3833 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3892

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3893 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3952

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3953 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 4012

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4013 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 4072

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4073 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 4132

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4133 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 4192

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4193 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 4252

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4253 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 4312

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4313 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 4372

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4373 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 4432

Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4433 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 4464

RESULT 12
AX062273
LOCUS       AX062273                5002 bp    DNA     linear   PAT 24-JAN-2001
DEFINITION  Sequence 132 from Patent WO0100849.
ACCESSION   AX062273
VERSION     AX062273.1  GI:12540174
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Christenson,E., Demaggio,A.J., Goldman,P.S. and Mcelligott,D.L.
  TITLE     Tankyrase2 materials and methods
  JOURNAL   Patent: WO 0100849-A 132 04-JAN-2001;
            ICOS CORPORATION (US)
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .5002
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="unassigned DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
     CDS             229. .4386
                     /note="unnamed protein product"
                     /codon_start=1
                     /protein_id="CAC25066.1"
                     /db_xref="GI:12540175"
                     /translation="MWKLKTRTISTVRLPKECARSEQNFQGLFFSVMVVRKFSLESPG
                     LKTTTTKNTICRIVRLQQNPPQRWRWDEAPSPAAEASRLTFPTNPSRRLASRNLPSRC
                     PATAHARDDVTCAPGAGRSWQELAGGALPASAAASFQDPDGGFALPPPPRGSRGAGSP
                     ARGARGRGHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLLRLLALLLAVAAAR
                     IMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGR
                     KSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGA
                     DPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLT
                     GEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLL
                     QHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNR
                     VEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRI
                     KKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLH
                     VASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIIS
                     LQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRD
                     IEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLV
                     KHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDT
                     DIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVA
                     EYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAA
                     QKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQV
                     LNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKK
                     EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLI
                     KGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHA
                     GGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKG
                     FDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRV
                     TLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMR
                     PEGMVDG"
ORIGIN

  Query Match             89.2%;  Score 3387.2;  DB 2;  Length 5002;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db       1083 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 1142

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1143 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 1202

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1203 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 1262

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1263 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 1322

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1323 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 1382
```

```
Qy    703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1383 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 1442

Qy    763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1443 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 1502

Qy    823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1503 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 1562

Qy    883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT. 942
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1563 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 1622

Qy    943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1623 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1682

Qy   1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1683 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1742

Qy   1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1743 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1802

Qy   1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1803 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1862

Qy   1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1863 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1922

Qy   1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1923 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1982

Qy   1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1983 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 2042

Qy   1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2043 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 2102

Qy   1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2103 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 2162

Qy   1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2163 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 2222

Qy   1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2223 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 2282

Qy   1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2283 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 2342

Qy   1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2343 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 2402

Qy   1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2403 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 2462

Qy   1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2463 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 2522

Qy   1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2523 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 2582

Qy   1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2583 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2642

Qy   1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2643 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2702

Qy   2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db   2703 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2762

Qy   2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2763 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2822

Qy   2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2823 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2882

Qy   2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2883 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2942

Qy   2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2943 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 3002

Qy   2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3003 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 3062

Qy   2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3063 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 3122

Qy   2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3123 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 3182

Qy   2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3183 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 3242

Qy   2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
          ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3243 AGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 3302

Qy   2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3303 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 3362

Qy   2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3363 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 3422

Qy   2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3423 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 3482

Qy   2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3483 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 3542

Qy   2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3543 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 3602

Qy       2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3603 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3662

Qy       2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3663 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3722

Qy       3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3723 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3782

Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3783 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3842

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3843 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3902

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3903 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3962

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3963 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 4022

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4023 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 4082

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4083 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 4142

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4143 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 4202

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4203 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 4262

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4263 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 4322

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4323 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 4382

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4383 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 4442

Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4443 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 4474


RESULT 13
AR578380
LOCUS       AR578380                5075 bp    DNA     linear   PAT 14-DEC-2004
DEFINITION  Sequence 556 from patent US 6783969.
ACCESSION   AR578380
VERSION     AR578380.1  GI:56581176
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 5075)
  AUTHORS   Tang,Y.T., Goodrich,R.W., Asundi,V. and Drmanac,R.T.
  TITLE     Cathepsin V-like polypeptides
  JOURNAL   Patent: US 6783969-A 556 31-AUG-2004;
            Nuvelo, Inc.; Sunnyvale, CA
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .5075
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"
ORIGIN

  Query Match             89.2%;  Score 3387.2;  DB 2;  Length 5075;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||||||
Db        450 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAAAATGGTGCAAATGTCCAAGC 509

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        510 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 569

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        570 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 629

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        630 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 689

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        690 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 749

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        750 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 809

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        810 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 869

Qy        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        870 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 929

Qy        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        930 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 989

Qy        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        990 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1049

Qy       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1050 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1109

Qy       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1110 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1169

Qy       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1170 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1229

Qy       1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1230 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1289

Qy       1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1290 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1349

Qy     1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1350 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1409

Qy     1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1410 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1469

Qy     1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1470 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1529

Qy     1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1530 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1589

Qy     1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1590 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1649

Qy     1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1650 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1709

Qy     1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1710 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1769

Qy     1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1770 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1829

Qy     1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1830 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1889

Qy     1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1890 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1949

Qy     1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1950 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2009

Qy     1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2010 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2069

Qy     2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db     2070 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2129

Qy     2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2130 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2189

Qy     2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2190 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2249

Qy     2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2250 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2309

Qy     2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2310 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2369

Qy     2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2370 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2429

Qy     2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2430 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2489

Qy     2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2490 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2549

Qy     2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2550 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2609

Qy     2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2610 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2669

Qy     2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2670 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2729

Qy     2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2730 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2789

Qy     2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2790 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2849

Qy     2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2850 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2909

Qy     2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2910 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2969

Qy     2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2970 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3029

Qy     2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3030 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3089

Qy     3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3090 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3149

Qy     3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3150 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3209

Qy     3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3210 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3269

Qy     3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3270 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3329

Qy     3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3330 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3389

Qy     3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3390 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3449

Qy     3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3450 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3509
```

```
Qy   3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3510 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3569

Qy   3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3570 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3629

Qy   3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3630 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3689

Qy   3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3690 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3749

Qy   3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3750 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3809

Qy   3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
          ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3810 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3841


RESULT 14
AF264912
LOCUS       AF264912                5810 bp    mRNA    linear   PRI 14-MAY-2001
DEFINITION  Homo sapiens tankyrase-like protein (TNKL) mRNA, complete cds.
ACCESSION   AF264912
VERSION     AF264912.1  GI:12005975
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 5810)
  AUTHORS   Kuimov,A.N., Kuprash,D.V., Petrov,V.N., Vdovichenko,K.K.,
            Scanlan,M.J., Jongeneel,C.V., Lagarkova,M.A. and Nedospasov,S.A.
  TITLE     Cloning and characterization of TNKL, a member of tankyrase gene
            family
  JOURNAL   Genes Immun. 2 (1), 52-55 (2001)
   PUBMED   11294570
REFERENCE   2  (bases 1 to 5810)
  AUTHORS   Kuimov,A.N., Kuprash,D.V., Petrov,V.N., Vdovichenko,K.K.,
            Kashkarova,U.A., Boitchenko,V.E., Nedospasov,S.A. and
            Lagarkova,M.A.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (08-MAY-2000) Laboratory of Molecular Immunology, A.N.
            Belozersky Institute of Physico-Chemical Biology, Moscow State
            University, Moscow 119899, Russia
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .5810
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /chromosome="10"
                     /map="10q22-10q24"
                     /tissue_type="breast carcinoma"
                     /note="derived from clones MO-BC-203 and I203"
     gene            <1. .5810
                     /gene="TNKL"
                     /note="a new member of tankyrase gene family; current
                     Unigene claster Hs.168491"
     CDS             1. .3501
                     /gene="TNKL"
                     /note="a new member of tankyrase family"
                     /codon_start=1
                     /product="tankyrase-like protein"
                     /protein_id="AAG44694.1"
                     /db_xref="GI:12005976"
```

```
                     /translation="MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLV
                     TPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFG
                     HAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTA
                     LDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLA
                     AGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLW
                     QFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHS
                     LLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGAN
                     INEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCR
                     LLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETV
                     KKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNA
                     CSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRD
                     GNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTP
                     LHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNA
                     TDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAM
                     PPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVS
                     SSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKE
                     IGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEM
                     QSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLF
                     HGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRS
                     CYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQ
                     AYPEYLITYQIMRPEGMVDG"
     STS             complement(1132. .1277)
                     /note="SHGC-53837"
     STS             complement(3665. .3975)
                     /note="WI-16054"
     STS             complement(5544. .5777)
                     /note="WI-8339"
ORIGIN

  Query Match             89.2%;  Score 3387.2;  DB 5;  Length 5810;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy    403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db    198 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 257

Qy    463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    258 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 317

Qy    523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    318 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 377

Qy    583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    378 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 437

Qy    643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    438 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 497

Qy    703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    498 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 557

Qy    763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    558 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 617

Qy    823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    618 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 677

Qy    883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    678 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 737

Qy    943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    738 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 797
```

```
Qy   1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    798 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 857

Qy   1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    858 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 917

Qy   1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    918 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 977

Qy   1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    978 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1037

Qy   1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1038 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1097

Qy   1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1098 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1157

Qy   1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1158 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1217

Qy   1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1218 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1277

Qy   1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1278 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1337

Qy   1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1338 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1397

Qy   1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1398 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1457

Qy   1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1458 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1517

Qy   1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1518 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1577

Qy   1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1578 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1637

Qy   1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1638 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1697

Qy   1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1698 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1757

Qy   1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1758 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 1817

Qy   2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db   1818 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 1877

Qy   2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1878 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 1937

Qy   2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1938 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 1997

Qy   2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1998 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2057

Qy   2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2058 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2117

Qy   2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2118 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2177

Qy   2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2178 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2237

Qy   2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2238 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2297

Qy   2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2298 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2357

Qy   2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
          ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2358 AGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2417

Qy   2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2418 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2477

Qy   2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2478 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2537

Qy   2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2538 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2597

Qy   2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2598 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2657

Qy   2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2658 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2717

Qy   2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2718 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2777

Qy   2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2778 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 2837

Qy   3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2838 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 2897

Qy   3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2898 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 2957

Qy   3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2958 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3017

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3018 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3077

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3078 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3137

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3138 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3197

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3198 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3257

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3258 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3317

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3318 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3377

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3378 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3437

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3438 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3497

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3498 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3557

Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3558 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3589


RESULT 15
AR584137
LOCUS       AR584137                6018 bp    DNA     linear   PAT 15-DEC-2004
DEFINITION  Sequence 11 from patent US 6794501.
ACCESSION   AR584137
VERSION     AR584137.1  GI:56622263
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 6018)
  AUTHORS   Chen,Y.-T., Old,L.J., Scanlan,M.J. and Stockert,E.
  TITLE     Colon cancer antigen panel
  JOURNAL   Patent: US 6794501-A 11 21-SEP-2004;
            Ludwig Institute for Cancer Research and Cornell Research
            Foundation, Inc.; New York, NY
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..6018
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"
ORIGIN

  Query Match             89.2%;  Score 3387.2;  DB 2;  Length 6018;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db        418 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 477

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        478 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 537

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        538 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 597

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        598 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 657

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        658 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 717

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        718 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 777

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        778 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 837

Qy        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        838 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 897

Qy        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        898 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 957

Qy        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        958 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1017

Qy       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1018 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1077

Qy       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1078 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1137

Qy       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1138 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1197

Qy       1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1198 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1257

Qy       1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1258 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1317

Qy       1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1318 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1377

Qy       1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1378 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1437

Qy       1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1438 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1497

Qy       1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1498 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1557

Qy       1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1558 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1617

Qy       1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1618 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1677

Qy       1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1678 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1737

Qy       1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1738 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1797

Qy       1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1798 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1857

Qy       1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1858 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1917

Qy       1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1918 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1977

Qy       1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1978 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2037

Qy       2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db       2038 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2097

Qy       2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2098 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2157

Qy       2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2158 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2217

Qy       2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2218 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2277

Qy       2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2278 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2337

Qy       2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2338 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2397

Qy       2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2398 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2457

Qy       2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2458 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2517

Qy       2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2518 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2577

Qy       2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
              ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2578 AGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2637

Qy       2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       2638 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2697

Qy       2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2698 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2757

Qy       2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2758 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2817

Qy       2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2818 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2877

Qy       2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2878 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2937

Qy       2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2938 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2997

Qy       2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2998 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3057

Qy       3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3058 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3117

Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3118 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3177

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3178 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3237

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3238 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3297

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3298 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3357

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3358 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3417

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3418 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3477

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3478 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3537

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3538 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3597

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3598 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3657

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3658 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3717

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3718 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3777
```

```
Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3778 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3809

Search completed: December 19, 2006, 00:41:05
Job time : 20536.6 secs
```

```
                    GenCore version 5.1.9
          Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.


OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on:          December 18, 2006, 11:40:30 ; Search time 2052.86 Seconds
                                             (without alignments)
                                             12895.949 Million cell updates/sec

Title:           US-10-616-101-1
Perfect score:   3797
Sequence:        1 ctttgaagacactggatttc..........cctttgctgaaaaaaaaaaa 3797

Scoring table:   IDENTITY_NUC
                 Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched:        5244920 seqs, 3486124231 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      10489840

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       N_Geneseq_8:*
                 1:  geneseqn1980s:*
                 2:  geneseqn1990s:*
                 3:  geneseqn2000s:*
                 4:  geneseqn2001as:*
                 5:  geneseqn2001bs:*
                 6:  geneseqn2002as:*
                 7:  geneseqn2002bs:*
                 8:  geneseqn2003as:*
                 9:  geneseqn2003bs:*
                 10:  geneseqn2003cs:*
                 11:  geneseqn2003ds:*
                 12:  geneseqn2004as:*
                 13:  geneseqn2004bs:*
                 14:  geneseqn2005s:*
                 15:  geneseqn2006s:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                                    SUMMARIES
                  %
Result          Query
  No.    Score  Match Length DB  ID                   Description
 -------------------------------------------------------------------------
    1     3797  100.0   3797  4  AAA91487             Aaa91487 Tankyrase
    2     3797  100.0   3797  8  ABQ77066             Abq77066 Tankyrase
    3     3797  100.0   3797 10  ADH69414              Adh69414 Human tan
    4     3797  100.0   3797 14  ADY97759              Ady97759 Human tan
    5   3393.4   89.4   3816  4  AAA91488             Aaa91488 Tankyrase
    6   3393.4   89.4   3816  8  ABQ77067             Abq77067 Tankyrase
    7   3393.4   89.4   3816 10  ADH69415              Adh69415 Human tan
    8   3393.4   89.4   3816 14  ADY97760              Ady97760 Human tan
    9   3388.8   89.2   4275  3  AAC66825             Aac66825 Human tan
   10   3388.8   89.2   6019  4  AAC85294             Aac85294 Human SPA
   11   3387.2   89.2   4127  5  AAF63926             Aaf63926 Human tan
   12   3387.2   89.2   4406  5  AAF63930             Aaf63930 Human tan
   13   3387.2   89.2   4992  5  AAF63953             Aaf63953 Human tan
   14   3387.2   89.2   5002  5  AAF63952             Aaf63952 Human tan
   15   3387.2   89.2   5075  6  ABZ11674             Abz11674 Human pol
   16   3387.2   89.2   5075 12  ADM44192              Adm44192 Novel hum
   17   3387.2   89.2   6018 10  AAD54031              Aad54031 Human col
   18   3387.2   89.2   6189 13  ADR14766              Adr14766 Nucleotid
```

```
   19  3387.2   89.2   6189  13  ADR66604                 Adr66604 Human pro
   20  3387.2   89.2   6189  13  ADR66262                 Adr66262 Human pro
   21  3387.2   89.2   6189  14  ADW86202                 Adw86202 Human Tan
   22  3387.2   89.2   6189  14  ADW92026                 Adw92026 DNA seque
   23  3382.8   89.1   4512  4  AAD02578                 Aad02578 Human tan
   24    3297   86.8   3400  2  AAX25366                 Aax25366 Human Grb
   25  3296.2   86.8   3508  5  AAF63837                 Aaf63837 Human tan
   26  2969.6   78.2   4493  3  AAC66823                 Aac66823 Human tan
   27  2968.2   78.2   4296  3  AAC66824                 Aac66824 Human tan
   28  2774.6   73.1   5005  4  AAC89706                 Aac89706 Human adu
   29  2439.8   64.3   2971  5  AAF63919                 Aaf63919 Human tan
   30  2439.8   64.3   3353  5  AAF63917                 Aaf63917 Human tan
   31  2357.8   62.1   3799  5  AAF63918                 Aaf63918 Human tan
   32  1813.4   47.8   3984  5  AAF63838                 Aaf63838 Human tan
   33  1813.4   47.8   4134  3  AAZ29627                 Aaz29627 Human tan
   34  1813.4   47.8   4134  3  AAC66826                 Aac66826 Human tan
   35  1813.4   47.8   4134  6  ABK48629                 Abk48629 Human tan
   36  1813.4   47.8   4134  13  ADR14765                 Adr14765 Nucleotid
   37  1794.8   47.3   3254  4  AAC85295                 Aac85295 Mouse SPA
   38  1794.8   47.3   8901  12  ADN03876                 Adn03876 Antipsori
   39  1533.8   40.4   4435  10  ADE53995                 Ade53995 Human pro
   40  1449.6   38.2   4491  3  AAZ29632                 Aaz29632 Human tru
   41  1449.6   38.2   4491  6  ABK48634                 Abk48634 Truncated
   42  1449.6   38.2   4491  14  ADW86201                 Adw86201 Human Tan
   43  1449.6   38.2   4491  14  ADW92025                 Adw92025 Human gen
   44  1359.4   35.8   1568  5  AAF63925                 Aaf63925 Human tan
   45  1297.8   34.2   4657  3  AAZ29633                 Aaz29633 Human tru


                                ALIGNMENTS


RESULT 1
AAA91487
ID   AAA91487 standard; DNA; 3797 BP.
XX
AC   AAA91487;
XX
DT   06-AUG-2001  (first entry)
XX
DE   Tankyrase homologue isotype 1 coding sequence.
XX
KW   Tankyrase homologue isotype 1; TaHo-1; TaHo-2; cell proliferation;
KW   cell cycle protein; cell cycle associated disorder; cancer; gene mapping;
KW   chromosome mapping; gene therapy; vaccine; ds.
XX
OS   Unidentified.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             404. .3706
FT                   /*tag=  a
FT                   /partial
FT                   /product= "TaHo1"
FT                   /note= "Tankyrase homologue isotype 1; No start codon
FT                   given"
XX
PN   WO200130987-A2.
XX
PD   03-MAY-2001.
XX
PF   25-OCT-2000; 2000WO-US041528.
XX
PR   25-OCT-1999;   99US-00427154.
XX
PA   (RIGE-) RIGEL PHARM INC.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B;
XX
DR   WPI; 2001-300503/31.
DR   P-PSDB; AAY97748.
XX
PT   Novel recombinant cell cycle polypeptide, tankyrase H useful for inducing
PT   or preventing cell proliferation in cells, and for diagnosing, treating
PT   or preventing cell cycle associated disorders such as cancer.
XX
PS   Claim 13; Fig 1; 63pp; English.
XX
CC   This sequence encodes the Tankyrase homologue isotype 1 (TaHo-1) protein
CC   of the invention. The invention also relates to the TaHo-2 protein. The
CC   TaHo proteins are useful for inducing or preventing cell proliferation in
CC   cells, and in the study or treatment of conditions mediated by the cell
CC   cycle proteins, such as to diagnose, treat or prevent cell cycle
CC   associated disorders, preferably cancer. The TaHo coding sequences are
CC   useful as hybridisation probes, in chromosome and gene mapping and in the
CC   generation of anti-sense DNA and RNA. The coding sequences are also
CC   useful for the preparation of TaHo, for generating either transgenic
CC   animals or knock out animals which, in turn, are useful in a development
CC   and screening of therapeutically useful agents, in gene therapy, as
CC   vaccine, and for construction of hybridisation probes for mapping the
CC   gene which encodes TaHo and for the genetic analysis of individuals with
CC   genetic disorders. The TaHo proteins, and their coding sequences are
CC   useful in screening assays
XX
SQ   Sequence 3797 BP; 1153 A; 732 C; 850 G; 1062 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             100.0%;  Score 3797;  DB 4;  Length 3797;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 3797;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 CTTTGAAGACACTGGATTTCATACTTTTGCCTGGGGTTATCTCTCTGTGTCTCACTACAT 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CTTTGAAGACACTGGATTTCATACTTTTGCCTGGGGTTATCTCTCTGTGTCTCACTACAT 60

Qy         61 AGACAAATATTAGCTGTGAGCAGATCTTTTTTTGTTGCTTCTTGTAGTCCCCCAGTTTAG 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 AGACAAATATTAGCTGTGAGCAGATCTTTTTTTGTTGCTTCTTGTAGTCCCCCAGTTTAG 120

Qy        121 CAGAAACATTCTGTGAGATAGATGTGGGAAAGGAATTCTAGCAAGAGTTTTGTCACTGTA 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CAGAAACATTCTGTGAGATAGATGTGGGAAAGGAATTCTAGCAAGAGTTTTGTCACTGTA 180

Qy        181 TCATAAGGTTGTGATTTACATATTTAAGTTTTATACTTTGAACATCTGAAAATGTATACA 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 TCATAAGGTTGTGATTTACATATTTAAGTTTTATACTTTGAACATCTGAAAATGTATACA 240

Qy        241 TACTAAATATGCAGAACTCTATTGTAGAGTGAGAAACATTTGAACTTTGAGCTTTCAGTC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 TACTAAATATGCAGAACTCTATTGTAGAGTGAGAAACATTTGAACTTTGAGCTTTCAGTC 300

Qy        301 ACTTATTTTGTATTCTTTCTTTGAGGTTAGCAGTAGTACCACCCAAGGCACTGCTTAGGT 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ACTTATTTTGTATTCTTTCTTTGAGGTTAGCAGTAGTACCACCCAAGGCACTGCTTAGGT 360

Qy        361 ACCACTGCTGCTTAGTGGAGAGTCCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 ACCACTGCTGCTTAGTGGAGAGTCCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGA 420

Qy        421 CGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCT 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCT 480

Qy        481 TATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 TATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCG 540

Qy        541 ACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGC 600

Qy        601 AATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCAT 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 AATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCAT 660

Qy        661 CCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCT 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCT 720

Qy        721 TACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 TACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAA 780

Qy        781 AATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTC 840

Qy        841 AACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 AACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCA 900

Qy        901 ACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 ACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTG 960

Qy        961 TTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGC 1020

Qy       1021 AATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGT 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 AATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGT 1080

Qy       1081 ATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAG 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 ATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAG 1140

Qy       1141 TGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGG 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 TGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGG 1200

Qy       1201 CCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 CCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTC 1260

Qy       1261 TCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 TCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGC 1320

Qy       1321 TGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 TGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAA 1380

Qy       1381 CATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCA 1440

Qy       1441 TAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCT 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 TAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCT 1500

Qy       1501 TGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACT 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 TGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACT 1560

Qy       1561 CCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGAT 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGAT 1620

Qy       1621 GGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGC 1680

Qy       1681 AGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTG 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 AGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTG 1740

Qy       1741 TACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTT 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTT 1800
```

```
Qy       1801 TGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGT 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 TGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGT 1860

Qy       1861 GCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTA 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTA 1920

Qy       1921 TGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAA 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 TGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAA 1980

Qy       1981 ATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 ATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCT 2040

Qy       2041 CCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGT 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGT 2100

Qy       2101 TAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 TAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGC 2160

Qy       2161 TGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTG 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 TGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTG 2220

Qy       2221 CCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTT 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 CCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTT 2280

Qy       2281 AGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGG 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 AGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGG 2340

Qy       2341 ACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAAT 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 ACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAAT 2400

Qy       2401 AAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGC 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 AAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGC 2460

Qy       2461 AGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGAC 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 AGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGAC 2520

Qy       2521 TCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGC 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 TCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGC 2580

Qy       2581 TCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 TCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCT 2640

Qy       2641 CAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 CAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCC 2700

Qy       2701 ATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTC 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 ATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTC 2760

Qy       2761 TTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCC 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 TTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCC 2820

Qy       2821 AGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGA 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 AGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGA 2880

Qy       2881 TATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCT 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 TATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCT 2940

Qy       2941 GAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 GAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAG 3000

Qy       3001 ACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGG 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGG 3060

Qy       3061 AACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGAT 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 AACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGAT 3120

Qy       3121 GCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATA 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 GCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATA 3180

Qy       3181 CAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCG 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCG 3240

Qy       3241 GAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGG 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 GAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGG 3300

Qy       3301 GTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGG 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGG 3360

Qy       3361 TGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGT 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 TGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGT 3420

Qy       3421 ATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTG 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTG 3480

Qy       3481 CCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 CCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGC 3540

Qy       3541 AATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAA 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 AATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAA 3600

Qy       3601 TGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 TGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTT 3660

Qy       3661 AATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 AATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAG 3720

Qy       3721 AAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCT 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 AAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCT 3780

Qy       3781 TTGCTGAAAAAAAAAAA 3797
              |||||||||||||||||
Db       3781 TTGCTGAAAAAAAAAAA 3797

RESULT 2
ABQ77066
ID   ABQ77066 standard; DNA; 3797 BP.
XX
AC   ABQ77066;
XX
DT   08-APR-2003  (first entry)
XX
DE   Tankyrase H isotype 1 TaHo-1 DNA from clone TH-1.
```

```
XX
KW   Tankyrase; tankyrase H; cell cycle protein; growth inhibitor; TaHo-1;
KW   TaHo; cytostatic; immunostimulant; gene therapy; vaccine; cancer; tumour;
KW   cell cycle related disorder; poly ADP-ribose polymerase; PARP; ds.
XX
OS   Unidentified.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             404. .3706
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "TaHo-1"
FT                   /partial
FT                   /note= "No start codon given"
XX
PN   WO200286170-A1.
XX
PD   31-OCT-2002.
XX
PF   25-APR-2002; 2002WO-US013185.
XX
PR   25-APR-2001; 2001US-00843159.
XX
PA   (RIGE-) RIGEL PHARM INC.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B,  Ossovskaya V;
XX
DR   WPI; 2003-093158/08.
DR   P-PSDB; ABG73730.
XX
PT   New recombinant nucleic acid encoding a cell cycle protein, useful for
PT   diagnosing and treating a cell cycle related disorder, e.g. cancer.
XX
PS   Claim 13; Fig 1A-B; 90pp; English.
XX
CC   This invention describes a novel recombinant nucleic acid encoding the
CC   cell cycle protein TaHo, a tankyrase H isoform. The products of the
CC   invention have cytostatic and immunostimulant activity and can be used
CC   for gene therapy and in vaccines. The cell cycle protein TaHo and the
CC   nucleic acid encoding the protein are useful for diagnosing and treating
CC   a cell cycle related disorder, e.g. cancer, or for inhibiting growth of a
CC   tumour cell. The methods are useful for screening for a bioactive agent
CC   capable of binding to a cell cycle protein tankyrase H, or a bioactive
CC   agent capable of modulating a cell cycle protein tankyrase H or PARP
CC   (poly ADP-ribose polymerase) activity. The antibodies are useful for
CC   inducing an immune response against the cell cycle proteins. This
CC   sequence encodes the tankyrase H isoform 1, TaHo-1, isolated from clone
CC   TH-1 which is described in the disclosure of the invention
XX
SQ   Sequence 3797 BP; 1153 A; 732 C; 850 G; 1062 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match            100.0%;  Score 3797;  DB 8;  Length 3797;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 3797;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 CTTTGAAGACACTGGATTTCATACTTTTGCCTGGGGTTATCTCTCTGTGTCTCACTACAT 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CTTTGAAGACACTGGATTTCATACTTTTGCCTGGGGTTATCTCTCTGTGTCTCACTACAT 60

Qy         61 AGACAAATATTAGCTGTGAGCAGATCTTTTTTTGTTGCTTCTTGTAGTCCCCCAGTTTAG 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 AGACAAATATTAGCTGTGAGCAGATCTTTTTTTGTTGCTTCTTGTAGTCCCCCAGTTTAG 120

Qy        121 CAGAAACATTCTGTGAGATAGATGTGGGAAAGGAATTCTAGCAAGAGTTTTGTCACTGTA 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CAGAAACATTCTGTGAGATAGATGTGGGAAAGGAATTCTAGCAAGAGTTTTGTCACTGTA 180

Qy        181 TCATAAGGTTGTGATTTACATATTTAAGTTTTATACTTTGAACATCTGAAAATGTATACA 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 TCATAAGGTTGTGATTTACATATTTAAGTTTTATACTTTGAACATCTGAAAATGTATACA 240

Qy        241 TACTAAATATGCAGAACTCTATTGTAGAGTGAGAAACATTTGAACTTTGAGCTTTCAGTC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 TACTAAATATGCAGAACTCTATTGTAGAGTGAGAAACATTTGAACTTTGAGCTTTCAGTC 300

Qy        301 ACTTATTTTGTATTCTTTCTTTGAGGTTAGCAGTAGTACCACCCAAGGCACTGCTTAGGT 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ACTTATTTTGTATTCTTTCTTTGAGGTTAGCAGTAGTACCACCCAAGGCACTGCTTAGGT 360

Qy        361 ACCACTGCTGCTTAGTGGAGAGTCCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 ACCACTGCTGCTTAGTGGAGAGTCCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGA 420

Qy        421 CGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCT 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCT 480

Qy        481 TATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 TATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCG 540

Qy        541 ACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGC 600

Qy        601 AATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCAT 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 AATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCAT 660

Qy        661 CCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCT 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCT 720

Qy        721 TACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 TACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAA 780

Qy        781 AATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTC 840

Qy        841 AACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 AACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCA 900

Qy        901 ACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 ACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTG 960

Qy        961 TTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGC 1020

Qy       1021 AATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGT 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 AATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGT 1080

Qy       1081 ATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAG 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 ATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAG 1140

Qy       1141 TGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGG 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 TGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGG 1200

Qy       1201 CCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 CCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTC 1260

Qy       1261 TCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 TCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGC 1320

Qy       1321 TGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 TGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAA 1380
```

```
Qy        1381 CATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCA 1440
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1381 CATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCA 1440

Qy        1441 TAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCT 1500
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1441 TAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCT 1500

Qy        1501 TGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACT 1560
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1501 TGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACT 1560

Qy        1561 CCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGAT 1620
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1561 CCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGAT 1620

Qy        1621 GGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGC 1680
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1621 GGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGC 1680

Qy        1681 AGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTG 1740
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1681 AGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTG 1740

Qy        1741 TACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTT 1800
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1741 TACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTT 1800

Qy        1801 TGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGT 1860
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1801 TGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGT 1860

Qy        1861 GCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTA 1920
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1861 GCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTA 1920

Qy        1921 TGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAA 1980
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1921 TGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAA 1980

Qy        1981 ATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCT 2040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1981 ATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCT 2040

Qy        2041 CCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGT 2100
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2041 CCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGT 2100

Qy        2101 TAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGC 2160
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2101 TAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGC 2160

Qy        2161 TGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTG 2220
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2161 TGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTG 2220

Qy        2221 CCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTT 2280
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2221 CCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTT 2280

Qy        2281 AGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGG 2340
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2281 AGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGG 2340

Qy        2341 ACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAAT 2400
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2341 ACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAAT 2400

Qy        2401 AAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGC 2460
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2401 AAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGC 2460

Qy        2461 AGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGAC 2520
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2461 AGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGAC 2520

Qy        2521 TCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGC 2580
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2521 TCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGC 2580

Qy        2581 TCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCT 2640
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2581 TCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCT 2640

Qy        2641 CAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCC 2700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2641 CAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCC 2700

Qy        2701 ATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTC 2760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2701 ATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTC 2760

Qy        2761 TTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCC 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2761 TTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCC 2820

Qy        2821 AGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGA 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2821 AGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGA 2880

Qy        2881 TATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCT 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2881 TATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCT 2940

Qy        2941 GAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAG 3000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 GAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAG 3000

Qy        3001 ACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGG 3060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 ACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGG 3060

Qy        3061 AACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGAT 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 AACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGAT 3120

Qy        3121 GCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATA 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 GCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATA 3180

Qy        3181 CAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGAAAGATACACTCACCG 3240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3181 CAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGAAAGATACACTCACCG 3240

Qy        3241 GAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGG 3300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3241 GAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGG 3300

Qy        3301 GTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGG 3360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3301 GTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGG 3360

Qy        3361 TGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGT 3420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 TGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGT 3420

Qy        3421 ATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTG 3480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3421 ATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTG 3480

Qy        3481 CCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGC 3540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3481 CCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGC 3540

Qy        3541 AATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAA 3600
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 AATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAA 3600

Qy       3601 TGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 TGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTT 3660

Qy       3661 AATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 AATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAG 3720

Qy       3721 AAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCT 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 AAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCT 3780

Qy       3781 TTGCTGAAAAAAAAAAA 3797
              |||||||||||||||||
Db       3781 TTGCTGAAAAAAAAAAA 3797


RESULT 3
ADH69414
ID   ADH69414 standard; DNA; 3797 BP.
XX
AC   ADH69414;
XX
DT   25-MAR-2004  (first entry)
XX
DE   Human  tankyrase homologue isotype 1 (TaHo-1) DNA.
XX
KW   Tankyrase H cell cycle protein; p21; gene therapy;
KW   bioactive agent screening; cancer; cytostatic; gene; human; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             404. .3706
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "Human  tankyrase homologue isotype 1"
FT                   /partial
FT                   /note= "no start codon given"
XX
PN   US6617102-B1.
XX
PD   09-SEP-2003.
XX
PF   25-OCT-2000; 2000US-00696668.
XX
PR   25-OCT-1999;   99US-00427154.
XX
PA   (RIGE-) RIGEL PHARM INC.
XX
PI   Luo Y,   Chan E,   Xu X,   Huang B,   Ossovskaya V;
XX
DR   WPI; 2003-895391/82.
DR   P-PSDB; ADH69405.
XX
PT   Screening for a bioactive agent capable of interfering with the binding
PT   of a tankyrase H cell cycle protein and p21 for diagnosing or treating
PT   cancer by combining a tankyrase H cell cycle protein, a candidate
PT   bioactive agent and p21.
XX
PS   Disclosure; SEQ ID NO 1; 39pp; English.
XX
CC   The invention relates to a method for screening a bioactive agent capable
CC   of interfering with the binding of a tankyrase H cell cycle protein and
CC   p21. The invention is useful in gene therapy. The method is useful for
CC   screening for a bioactive agent capable of interfering with the binding
CC   of a tankyrase H cell cycle protein and p21 for preparing a composition
CC   for diagnosing or treating cancer. The present sequence is human
CC   tankyrase homologue isotype 1 (TaHo-1) DNA.
XX
SQ   Sequence 3797 BP; 1153 A; 732 C; 850 G; 1062 T; 0 U; 0 Other;
```

```
  Query Match             100.0%;  Score 3797;  DB 10;  Length 3797;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 3797;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 CTTTGAAGACACTGGATTTCATACTTTTGCCTGGGGTTATCTCTCTGTGTCTCACTACAT 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CTTTGAAGACACTGGATTTCATACTTTTGCCTGGGGTTATCTCTCTGTGTCTCACTACAT 60

Qy         61 AGACAAATATTAGCTGTGAGCAGATCTTTTTTTGTTGCTTCTTGTAGTCCCCCAGTTTAG 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 AGACAAATATTAGCTGTGAGCAGATCTTTTTTTGTTGCTTCTTGTAGTCCCCCAGTTTAG 120

Qy        121 CAGAAACATTCTGTGAGATAGATGTGGGAAAGGAATTCTAGCAAGAGTTTTGTCACTGTA 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CAGAAACATTCTGTGAGATAGATGTGGGAAAGGAATTCTAGCAAGAGTTTTGTCACTGTA 180

Qy        181 TCATAAGGTTGTGATTTACATATTTAAGTTTTATACTTTGAACATCTGAAAATGTATACA 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 TCATAAGGTTGTGATTTACATATTTAAGTTTTATACTTTGAACATCTGAAAATGTATACA 240

Qy        241 TACTAAATATGCAGAACTCTATTGTAGAGTGAGAAACATTTGAACTTTGAGCTTTCAGTC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 TACTAAATATGCAGAACTCTATTGTAGAGTGAGAAACATTTGAACTTTGAGCTTTCAGTC 300

Qy        301 ACTTATTTTGTATTCTTTCTTTGAGGTTAGCAGTAGTACCACCCAAGGCACTGCTTAGGT 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ACTTATTTTGTATTCTTTCTTTGAGGTTAGCAGTAGTACCACCCAAGGCACTGCTTAGGT 360

Qy        361 ACCACTGCTGCTTAGTGGAGAGTCCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 ACCACTGCTGCTTAGTGGAGAGTCCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGA 420

Qy        421 CGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCT 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCT 480

Qy        481 TATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 TATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCG 540

Qy        541 ACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGC 600

Qy        601 AATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCAT 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 AATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCAT 660

Qy        661 CCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCT 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCT 720

Qy        721 TACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 TACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAA 780

Qy        781 AATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTC 840

Qy        841 AACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 AACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCA 900

Qy        901 ACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 ACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTG 960

Qy        961 TTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGC 1020

Qy       1021 AATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGT 1080
```

```
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 AATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGT 1080

Qy   1081 ATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 ATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAG 1140

Qy   1141 TGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGG 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 TGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGG 1200

Qy   1201 CCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTC 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 CCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTC 1260

Qy   1261 TCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGC 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 TCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGC 1320

Qy   1321 TGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAA 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 TGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAA 1380

Qy   1381 CATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCA 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 CATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCA 1440

Qy   1441 TAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCT 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 TAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCT 1500

Qy   1501 TGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACT 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 TGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACT 1560

Qy   1561 CCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGAT 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 CCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGAT 1620

Qy   1621 GGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGC 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 GGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGC 1680

Qy   1681 AGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTG 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 AGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTG 1740

Qy   1741 TACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTT 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 TACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTT 1800

Qy   1801 TGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGT 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 TGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGT 1860

Qy   1861 GCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTA 1920

Qy   1921 TGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAA 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 TGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAA 1980

Qy   1981 ATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCT 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 ATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCT 2040

Qy   2041 CCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGT 2100

Qy   2101 TAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 TAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGC 2160

Qy   2161 TGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTG 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 TGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTG 2220

Qy   2221 CCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTT 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 CCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTT 2280

Qy   2281 AGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGG 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 AGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGG 2340

Qy   2341 ACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAAT 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 ACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAAT 2400

Qy   2401 AAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGC 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 AAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGC 2460

Qy   2461 AGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGAC 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 AGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGAC 2520

Qy   2521 TCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGC 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 TCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGC 2580

Qy   2581 TCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCT 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 TCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCT 2640

Qy   2641 CAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCC 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 CAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCC 2700

Qy   2701 ATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTC 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 ATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTC 2760

Qy   2761 TTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 TTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCC 2820

Qy   2821 AGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGA 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 AGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGA 2880

Qy   2881 TATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 TATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCT 2940

Qy   2941 GAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 GAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAG 3000

Qy   3001 ACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGG 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 ACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGG 3060

Qy   3061 AACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGAT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 AACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGAT 3120

Qy   3121 GCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 GCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATA 3180

Qy   3181 CAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCG 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 CAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCG 3240
```

```
Qy       3241 GAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGG 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 GAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGG 3300

Qy       3301 GTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGG 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGG 3360

Qy       3361 TGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGT 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 TGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGT 3420

Qy       3421 ATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTG 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTG 3480

Qy       3481 CCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 CCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGC 3540

Qy       3541 AATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAA 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 AATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAA 3600

Qy       3601 TGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 TGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTT 3660

Qy       3661 AATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 AATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAG 3720

Qy       3721 AAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCT 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 AAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCT 3780

Qy       3781 TTGCTGAAAAAAAAAAA 3797
              |||||||||||||||||
Db       3781 TTGCTGAAAAAAAAAAA 3797


RESULT 4
ADY97759
ID   ADY97759 standard; cDNA; 3797 BP.
XX
AC   ADY97759;
XX
DT   16-JUN-2005  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase homologue isotype 1 encoding cDNA SEQ ID NO:1.
XX
KW   cell cycle; cancer; cytostatic; tankyrase homologue isotype 1; gene; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             404. .3706
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "tankyrase homolog isotype 1"
XX
PN   US2005074825-A1.
XX
PD   07-APR-2005.
XX
PF   08-JUL-2003; 2003US-00616101.
XX
PR   25-OCT-1999;   99US-00427154.
PR   25-OCT-2000; 2000US-00696668.
PR   25-APR-2001; 2001US-00843159.
XX
PA   (LUOY/) LUO Y.
PA   (CHAN/) CHAN E.
PA   (XUXX/) XU X.
PA   (HUAN/) HUANG B.
PA   (OSSO/) OSSOVSKAYA V.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B,  Ossovskaya V;
XX
DR   WPI; 2005-294737/30.
DR   P-PSDB; ADY97761.
XX
PT   Novel recombinant polypeptide such as cell cycle protein e.g. tankyrase
PT   homolog, useful for screening its modulator.
XX
PS   Claim 10; SEQ ID NO 1; 75pp; English.
XX
CC   The invention relates to a recombinant polypeptide (I) such as cell cycle
CC   protein e.g. tankyrase homologue (TaHo), comprising an amino acid
CC   sequence having 85% or more sequence identity to the 1065 amino acid
CC   sequence of ADY97761 or the 1240 amino acid sequence of ADY97762. Also
CC   described: (1) diagnosing cancer, which involves determining the activity
CC   of (I) from a test sample of an individual and comparing the level with a
CC   control with a control; (2) treating (M1) an individual with a cell cycle
CC   related disorder, which involves administering to the individual an
CC   inhibitor of TaHo; (3) a recombinant nucleic acid (II) encoding (I),
CC   comprising a nucleic acid that hybridizes under high stringent conditions
CC   to a sequence complementary to the 3797 base pair sequence of ADY97759 or
CC   the 3816 base pair sequence of ADY97760, or a nucleic acid having 85% or
CC   more sequence identity to ADY97759 or ADY97760; (4) an expression vector
CC   (III) comprising (II) operably linked to regulatory sequences recognized
CC   by a host cell (IV) transformed with the nucleic acid; (5) a host cell
CC   comprising (II) or (III); (6) producing (I); (7) a polypeptide that
CC   specifically binds to (I); and (8) inhibiting (M2) growth of a tumor
CC   cell, involves contacting the tumor with a bioactive agent capable of
CC   inhibiting TaHo activity. (I) is useful for screening a bioactive agent
CC   capable of modulating (I), or screening for agents capable of interfering
CC   with the binding of (I) and P21. (M1) is useful for treating an
CC   individual with a cell cycle related disorder. (M2) is useful for
CC   inhibiting growth of a tumor cell by a bioactive agent e.g. antisense
CC   oligonucleotide. The present sequence encodes the human tankyrase
CC   homologue isotype 1.
XX
SQ   Sequence 3797 BP; 1153 A; 732 C; 850 G; 1062 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             100.0%;  Score 3797;  DB 14;  Length 3797;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 3797;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 CTTTGAAGACACTGGATTTCATACTTTTGCCTGGGGTTATCTCTCTGTGTCTCACTACAT 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CTTTGAAGACACTGGATTTCATACTTTTGCCTGGGGTTATCTCTCTGTGTCTCACTACAT 60

Qy         61 AGACAAATATTAGCTGTGAGCAGATCTTTTTTTGTTGCTTCTTGTAGTCCCCCAGTTTAG 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 AGACAAATATTAGCTGTGAGCAGATCTTTTTTTGTTGCTTCTTGTAGTCCCCCAGTTTAG 120

Qy        121 CAGAAACATTCTGTGAGATAGATGTGGGAAAGGAATTCTAGCAAGAGTTTTGTCACTGTA 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CAGAAACATTCTGTGAGATAGATGTGGGAAAGGAATTCTAGCAAGAGTTTTGTCACTGTA 180

Qy        181 TCATAAGGTTGTGATTTACATATTTAAGTTTTATACTTTGAACATCTGAAAATGTATACA 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 TCATAAGGTTGTGATTTACATATTTAAGTTTTATACTTTGAACATCTGAAAATGTATACA 240

Qy        241 TACTAAATATGCAGAACTCTATTGTAGAGTGAGAAACATTTGAACTTTGAGCTTTCAGTC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 TACTAAATATGCAGAACTCTATTGTAGAGTGAGAAACATTTGAACTTTGAGCTTTCAGTC 300

Qy        301 ACTTATTTTGTATTCTTTCTTTGAGGTTAGCAGTAGTACCACCCAAGGCACTGCTTAGGT 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ACTTATTTTGTATTCTTTCTTTGAGGTTAGCAGTAGTACCACCCAAGGCACTGCTTAGGT 360

Qy        361 ACCACTGCTGCTTAGTGGAGAGTCCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 ACCACTGCTGCTTAGTGGAGAGTCCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGA 420
```

```
Qy          421 CGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCT 480
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          421 CGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCT 480

Qy          481 TATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCG 540
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          481 TATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCG 540

Qy          541 ACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGC 600
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          541 ACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGC 600

Qy          601 AATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCAT 660
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          601 AATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCAT 660

Qy          661 CCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCT 720
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          661 CCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCT 720

Qy          721 TACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAA 780
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          721 TACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAA 780

Qy          781 AATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTC 840
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          781 AATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTC 840

Qy          841 AACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCA 900
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          841 AACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCA 900

Qy          901 ACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTG 960
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          901 ACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTG 960

Qy          961 TTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGC 1020
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          961 TTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGC 1020

Qy         1021 AATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGT 1080
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1021 AATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGT 1080

Qy         1081 ATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAG 1140
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1081 ATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAG 1140

Qy         1141 TGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGG 1200
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1141 TGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGG 1200

Qy         1201 CCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTC 1260
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1201 CCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTC 1260

Qy         1261 TCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGC 1320
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1261 TCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGC 1320

Qy         1321 TGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAA 1380
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1321 TGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAA 1380

Qy         1381 CATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCA 1440
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1381 CATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCA 1440

Qy         1441 TAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCT 1500
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1441 TAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCT 1500

Qy         1501 TGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACT 1560
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1501 TGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACT 1560

Qy         1561 CCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGAT 1620
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1561 CCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGAT 1620

Qy         1621 GGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGC 1680
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1621 GGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGC 1680

Qy         1681 AGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTG 1740
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1681 AGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTG 1740

Qy         1741 TACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTT 1800
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1741 TACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTT 1800

Qy         1801 TGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGT 1860
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1801 TGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGT 1860

Qy         1861 GCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTA 1920
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1861 GCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTA 1920

Qy         1921 TGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAA 1980
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1921 TGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAA 1980

Qy         1981 ATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCT 2040
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1981 ATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCT 2040

Qy         2041 CCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGT 2100
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2041 CCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGT 2100

Qy         2101 TAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGC 2160
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2101 TAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGC 2160

Qy         2161 TGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTG 2220
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2161 TGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTG 2220

Qy         2221 CCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTT 2280
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2221 CCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTT 2280

Qy         2281 AGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGG 2340
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2281 AGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGG 2340

Qy         2341 ACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAAT 2400
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2341 ACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAAT 2400

Qy         2401 AAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGC 2460
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2401 AAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGC 2460

Qy         2461 AGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGAC 2520
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2461 AGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGAC 2520

Qy         2521 TCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGC 2580
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2521 TCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGC 2580

Qy         2581 TCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCT 2640
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2581 TCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCT 2640

Qy      2641 CAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCC 2700
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2641 CAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCC 2700

Qy      2701 ATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTC 2760
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2701 ATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTC 2760

Qy      2761 TTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCC 2820
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2761 TTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCC 2820

Qy      2821 AGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGA 2880
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2821 AGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGA 2880

Qy      2881 TATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCT 2940
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2881 TATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCT 2940

Qy      2941 GAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAG 3000
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2941 GAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAG 3000

Qy      3001 ACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGG 3060
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3001 ACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGG 3060

Qy      3061 AACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGAT 3120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3061 AACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGAT 3120

Qy      3121 GCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATA 3180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3121 GCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATA 3180

Qy      3181 CAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCG 3240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3181 CAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCG 3240

Qy      3241 GAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGG 3300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3241 GAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGG 3300

Qy      3301 GTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGG 3360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3301 GTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGG 3360

Qy      3361 TGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGT 3420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3361 TGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGT 3420

Qy      3421 ATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTG 3480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3421 ATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTG 3480

Qy      3481 CCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGC 3540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3481 CCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGC 3540

Qy      3541 AATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAA 3600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3541 AATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAA 3600

Qy      3601 TGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTT 3660
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3601 TGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTT 3660

Qy      3661 AATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAG 3720
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3661 AATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAG 3720

Qy      3721 AAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCT 3780
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3721 AAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCT 3780

Qy      3781 TTGCTGAAAAAAAAAAA 3797
             |||||||||||||||||
Db      3781 TTGCTGAAAAAAAAAAA 3797


RESULT 5
AAA91488
ID   AAA91488 standard; DNA; 3816 BP.
XX
AC   AAA91488;
XX
DT   06-AUG-2001  (first entry)
XX
DE   Tankyrase homologue isotype 2 coding sequence.
XX
KW   Tankyrase homologue isotype 2; TaHo-1; TaHo-2; cell proliferation;
KW   cell cycle protein; cell cycle associated disorder; cancer; gene mapping;
KW   chromosome mapping; gene therapy; vaccine; ds.
XX
OS   Unidentified.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             2. .3726
FT                   /*tag=  a
FT                   /partial
FT                   /product= "TaHo2"
FT                   /note= "Tankyrase homologue isotype 2; No start codon
FT                   given"
XX
PN   WO200130987-A2.
XX
PD   03-MAY-2001.
XX
PF   25-OCT-2000; 2000WO-US041528.
XX
PR   25-OCT-1999;   99US-00427154.
XX
PA   (RIGE-) RIGEL PHARM INC.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B;
XX
DR   WPI; 2001-300503/31.
DR   P-PSDB; AAY97749.
XX
PT   Novel recombinant cell cycle polypeptide, tankyrase H useful for inducing
PT   or preventing cell proliferation in cells, and for diagnosing, treating
PT   or preventing cell cycle associated disorders such as cancer.
XX
PS   Claim 13; Fig 2; 63pp; English.
XX
CC   This sequence encodes the Tankyrase homologue isotype 2 (TaHo-2) protein
CC   of the invention. The invention also relates to the TaHo-1 protein. The
CC   TaHo proteins are useful for inducing or preventing cell proliferation in
CC   cells, and in the study or treatment of conditions mediated by the cell
CC   cycle proteins, such as to diagnose, treat or prevent cell cycle
CC   associated disorders, preferably cancer. The TaHo coding sequences are
CC   useful as hybridisation probes, in chromosome and gene mapping and in the
CC   generation of anti-sense DNA and RNA. The coding sequences are also
CC   useful for the preparation of TaHo, for generating either transgenic
CC   animals or knock out animals which, in turn, are useful in a development
CC   and screening of therapeutically useful agents, in gene therapy, as
CC   vaccine, and for construction of hybridisation probes for mapping the
CC   gene which encodes TaHo and for the genetic analysis of individuals with
CC   genetic disorders. The TaHo proteins, and their coding sequences are
CC   useful in screening assays
XX
SQ   Sequence 3816 BP; 1097 A; 806 C; 949 G; 964 T; 0 U; 0 Other;
```

```
  Query Match             89.4%;  Score 3393.4;  DB 4;  Length 3816;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3394;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db       422 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 481

Qy       463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       482 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 541

Qy       523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       542 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 601

Qy       583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       602 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 661

Qy       643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       662 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 721

Qy       703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       722 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 781

Qy       763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       782 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 841

Qy       823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       842 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 901

Qy       883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       902 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 961

Qy       943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       962 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1021

Qy      1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1022 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1081

Qy      1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1082 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1141

Qy      1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1142 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1201

Qy      1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1202 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1261

Qy      1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1262 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1321

Qy      1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1322 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1381

Qy      1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1382 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1441

Qy      1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1442 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1501

Qy      1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1502 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1561

Qy      1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1562 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1621

Qy      1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1622 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1681

Qy      1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1682 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1741

Qy      1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1742 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1801

Qy      1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1802 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1861

Qy      1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1862 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1921

Qy      1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1922 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1981

Qy      1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1982 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2041

Qy      2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2042 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2101

Qy      2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2102 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2161

Qy      2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2162 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2221

Qy      2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2222 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2281

Qy      2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2282 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2341

Qy      2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2342 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2401

Qy      2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2402 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2461

Qy      2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2462 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2521

Qy      2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
```

```
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2522 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2581

Qy         2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2582 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2641

Qy         2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2642 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2701

Qy         2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2702 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2761

Qy         2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2762 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2821

Qy         2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2822 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2881

Qy         2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2882 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2941

Qy         2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2942 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3001

Qy         2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3002 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3061

Qy         3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3062 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3121

Qy         3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3122 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3181

Qy         3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3182 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3241

Qy         3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3242 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3301

Qy         3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3302 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3361

Qy         3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3362 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3421

Qy         3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3422 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3481

Qy         3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3482 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3541

Qy         3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3542 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3601

Qy         3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db         3602 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3661

Qy         3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3662 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3721

Qy         3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3722 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3781

Qy         3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3797
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3782 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3816


RESULT 6
ABQ77067
ID   ABQ77067 standard; DNA; 3816 BP.
XX
AC   ABQ77067;
XX
DT   08-APR-2003  (first entry)
XX
DE   Tankyrase H isotype 2 TaHo-2 DNA from clone K23.
XX
KW   Tankyrase; tankyrase H; cell cycle protein; growth inhibitor; TaHo-2;
KW   TaHo; cytostatic; immunostimulant; gene therapy; vaccine; cancer; tumour;
KW   cell cycle related disorder; poly ADP-ribose polymerase; PARP; ds.
XX
OS   Unidentified.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             3..3725
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "TaHo-2"
FT                   /partial
FT                   /note= "no start codon"
XX
PN   WO200286170-A1.
XX
PD   31-OCT-2002.
XX
PF   25-APR-2002; 2002WO-US013185.
XX
PR   25-APR-2001; 2001US-00843159.
XX
PA   (RIGE-) RIGEL PHARM INC.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B,  Ossovskaya V;
XX
DR   WPI; 2003-093158/08.
DR   P-PSDB; ABG73731.
XX
PT   New recombinant nucleic acid encoding a cell cycle protein, useful for
PT   diagnosing and treating a cell cycle related disorder, e.g. cancer.
XX
PS   Claim 13; Fig 2A-B; 90pp; English.
XX
CC   This invention describes a novel recombinant nucleic acid encoding the
CC   cell cycle protein TaHo, a tankyrase H isoform. The products of the
CC   invention have cytostatic and immunostimulant activity and can be used
CC   for gene therapy and in vaccines. The cell cycle protein TaHo and the
CC   nucleic acid encoding the protein are useful for diagnosing and treating
CC   a cell cycle related disorder, e.g. cancer, or for inhibiting growth of a
CC   tumour cell. The methods are useful for screening for a bioactive agent
CC   capable of binding to a cell cycle protein tankyrase H, or a bioactive
CC   agent capable of modulating a cell cycle protein tankyrase H or PARP
CC   (poly ADP-ribose polymerase) activity. The antibodies are useful for
CC   inducing an immune response against the cell cycle proteins. This
CC   sequence encodes the tankyrase H isoform 2, TaHo-2, isolated from clone
CC   K23 which is described in the disclosure of the invention
XX
SQ   Sequence 3816 BP; 1097 A; 806 C; 949 G; 964 T; 0 U; 0 Other;
```

```
  Query Match             89.4%;  Score 3393.4;  DB 8;  Length 3816;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3394;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db          422 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 481

Qy          463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          482 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 541

Qy          523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          542 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 601

Qy          583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          602 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 661

Qy          643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          662 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 721

Qy          703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          722 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 781

Qy          763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          782 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 841

Qy          823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          842 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 901

Qy          883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          902 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 961

Qy          943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          962 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1021

Qy         1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1022 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1081

Qy         1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1082 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1141

Qy         1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1142 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1201

Qy         1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1202 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1261

Qy         1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1262 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1321

Qy         1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1322 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1381

Qy         1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1382 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1441

Qy         1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1442 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1501

Qy         1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1502 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1561

Qy         1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1562 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1621

Qy         1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1622 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1681

Qy         1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1682 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1741

Qy         1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1742 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1801

Qy         1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1802 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1861

Qy         1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1862 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1921

Qy         1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1922 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1981

Qy         1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1982 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2041

Qy         2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2042 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2101

Qy         2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2102 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2161

Qy         2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2162 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2221

Qy         2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2222 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2281

Qy         2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2282 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2341

Qy         2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2342 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2401

Qy         2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2402 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2461

Qy         2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2462 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2521

Qy         2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2522 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2581

Qy        2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2582 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2641

Qy        2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2642 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2701

Qy        2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2702 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2761

Qy        2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2762 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2821

Qy        2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2822 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2881

Qy        2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2882 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2941

Qy        2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2942 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3001

Qy        2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3002 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3061

Qy        3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3062 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3121

Qy        3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3122 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3181

Qy        3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3182 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3241

Qy        3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3242 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3301

Qy        3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3302 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3361

Qy        3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3362 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3421

Qy        3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3422 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3481

Qy        3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3482 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3541

Qy        3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3542 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3601

Qy        3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3602 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3661

Qy        3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3662 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3721

Qy        3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3722 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3781

Qy        3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3797
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3782 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3816


RESULT 7
ADH69415
ID   ADH69415 standard; DNA; 3816 BP.
XX
AC   ADH69415;
XX
DT   25-MAR-2004  (first entry)
XX
DE   Human  tankyrase homologue isotype 2 (TaHo-2) DNA.
XX
KW   Tankyrase H cell cycle protein; p21; gene therapy;
KW   bioactive agent screening; cancer; cytostatic; gene; human; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             3, .3725
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "Human  tankyrase homologue isotype 2"
FT                   /partial
FT                   /note= "no start codon given"
XX
PN   US6617102-B1.
XX
PD   09-SEP-2003.
XX
PF   25-OCT-2000; 2000US-00696668.
XX
PR   25-OCT-1999;   99US-00427154.
XX
PA   (RIGE-) RIGEL PHARM INC.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B,  Ossovskaya V;
XX
DR   WPI; 2003-895391/82.
DR   P-PSDB; ADH69406.
XX
PT   Screening for a bioactive agent capable of interfering with the binding
PT   of a tankyrase H cell cycle protein and p21 for diagnosing or treating
PT   cancer by combining a tankyrase H cell cycle protein, a candidate
PT   bioactive agent and p21.
XX
PS   Disclosure; SEQ ID NO 2; 39pp; English.
XX
CC   The invention relates to a method for screening a bioactive agent capable
CC   of interfering with the binding of a tankyrase H cell cycle protein and
CC   p21. The invention is useful in gene therapy. The method is useful for
CC   screening for a bioactive agent capable of interfering with the binding
CC   of a tankyrase H cell cycle protein and p21 for preparing a composition
CC   for diagnosing or treating cancer. The present sequence is human
CC   tankyrase homologue isotype 2 (TaHo-2) DNA.
XX
SQ   Sequence 3816 BP; 1097 A; 806 C; 949 G; 964 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             89.4%;  Score 3393.4;  DB 10;  Length 3816;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3394;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;
```

```
Qy      .403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db       422 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 481

Qy       463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       482 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 541

Qy       523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       542 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 601

Qy       583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       602 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 661

Qy       643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       662 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 721

Qy       703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       722 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 781

Qy       763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       782 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 841

Qy       823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       842 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 901

Qy       883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       902 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 961

Qy       943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       962 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1021

Qy      1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1022 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1081

Qy      1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1082 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1141

Qy      1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1142 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1201

Qy      1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1202 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1261

Qy      1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1262 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1321

Qy      1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1322 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1381

Qy      1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1382 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1441

Qy      1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1442 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1501

Qy      1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1502 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1561

Qy      1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1562 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1621

Qy      1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1622 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1681

Qy      1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1682 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1741

Qy      1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1742 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1801

Qy      1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1802 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1861

Qy      1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1862 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1921

Qy      1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1922 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1981

Qy      1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1982 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2041

Qy      2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2042 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2101

Qy      2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2102 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2161

Qy      2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2162 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2221

Qy      2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2222 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2281

Qy      2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2282 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2341

Qy      2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2342 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2401

Qy      2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2402 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2461

Qy      2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2462 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2521

Qy      2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2522 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2581

Qy      2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2582 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2641

Qy       2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2642 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2701

Qy       2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2702 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2761

Qy       2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2762 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2821

Qy       2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2822 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2881

Qy       2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2882 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2941

Qy       2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2942 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3001

Qy       2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3002 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3061

Qy       3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3062 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3121

Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3122 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3181

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3182 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3241

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3242 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3301

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3302 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3361

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3362 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3421

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3422 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3481

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3482 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3541

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3542 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3601

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3602 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3661

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3662 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3721

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3722 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3781

Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3797
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3782 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3816


RESULT 8
ADY97760
ID   ADY97760 standard; cDNA; 3816 BP.
XX
AC   ADY97760;
XX
DT   16-JUN-2005  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase homologue isotype 2 encoding cDNA SEQ ID NO:2.
XX
KW   cell cycle; cancer; cytostatic; tankyrase homologue isotype 2; gene; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             3. .3725
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "tankyrase homologue isotype 2"
XX
PN   US2005074825-A1.
XX
PD   07-APR-2005.
XX
PF   08-JUL-2003; 2003US-00616101.
XX
PR   25-OCT-1999;   99US-00427154.
PR   25-OCT-2000; 2000US-00696668.
PR   25-APR-2001; 2001US-00843159.
XX
PA   (LUOY/) LUO Y.
PA   (CHAN/) CHAN E.
PA   (XUXX/) XU X.
PA   (HUAN/) HUANG B.
PA   (OSSO/) OSSOVSKAYA V.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B,  Ossovskaya V;
XX
DR   WPI; 2005-294737/30.
DR   P-PSDB; ADY97762.
XX
PT   Novel recombinant polypeptide such as cell cycle protein e.g. tankyrase
PT   homolog, useful for screening its modulator.
XX
PS   Claim 10; SEQ ID NO 2; 75pp; English.
XX
CC   The invention relates to a recombinant polypeptide (I) such as cell cycle
CC   protein e.g. tankyrase homologue (TaHo), comprising an amino acid
CC   sequence having 85% or more sequence identity to the 1065 amino acid
CC   sequence of ADY97761 or the 1240 amino acid sequence of ADY97762. Also
CC   described: (1) diagnosing cancer, which involves determining the activity
CC   of (I) from a test sample of an individual and comparing the level with a
CC   control with a control; (2) treating (M1) an individual with a cell cycle
CC   related disorder, which involves administering to the individual an
CC   inhibitor of TaHo; (3) a recombinant nucleic acid (II) encoding (I),
CC   comprising a nucleic acid that hybridizes under high stringent conditions
CC   to a sequence complementary to the 3797 base pair sequence of ADY97759 or
CC   the 3816 base pair sequence of ADY97760, or a nucleic acid having 85% or
CC   more sequence identity to ADY97759 or ADY97760; (4) an expression vector
CC   (III) comprising (II) operably linked to regulatory sequences recognized
CC   by a host cell (IV) transformed with the nucleic acid; (5) a host cell
CC   comprising (II) or (III); (6) producing (I); (7) a polypeptide that
CC   specifically binds to (I); and (8) inhibiting (M2) growth of a tumor
CC   cell, involves contacting the tumor with a bioactive agent capable of
CC   inhibiting TaHo activity. (I) is useful for screening a bioactive agent
CC   capable of modulating (I), or screening for agents capable of interfering
CC   with the binding of (I) and P21. (M1) is useful for treating an
CC   individual with a cell cycle related disorder. (M2) is useful for
CC   inhibiting growth of a tumor cell by a bioactive agent e.g. antisense
CC   oligonucleotide. The present sequence encodes the human tankyrase
CC   homologue isotype 2.
XX
SQ   Sequence 3816 BP; 1097 A; 806 C; 949 G; 964 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             89.4%;  Score 3393.4;  DB 14;  Length 3816;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3394;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db        422 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 481

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        482 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 541

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        542 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 601

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        602 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 661

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        662 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 721

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        722 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 781

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        782 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 841

Qy        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        842 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 901

Qy        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        902 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 961

Qy        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        962 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1021

Qy       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1022 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1081

Qy       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1082 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1141

Qy       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1142 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1201

Qy       1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1202 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1261

Qy       1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1262 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1321

Qy       1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1322 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1381

Qy       1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1382 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1441

Qy       1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1442 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1501

Qy       1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1502 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1561

Qy       1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1562 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1621

Qy       1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1622 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1681

Qy       1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1682 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1741

Qy       1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1742 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1801

Qy       1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1802 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1861

Qy       1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1862 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1921

Qy       1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1922 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1981

Qy       1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1982 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2041

Qy       2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2042 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2101

Qy       2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2102 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2161

Qy       2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2162 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2221

Qy       2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2222 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2281

Qy       2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2282 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2341

Qy       2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2342 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2401
```

```
Qy       2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2402 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2461

Qy       2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2462 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2521

Qy       2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2522 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2581

Qy       2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2582 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2641

Qy       2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2642 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2701

Qy       2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2702 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2761

Qy       2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2762 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2821

Qy       2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2822 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2881

Qy       2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2882 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2941

Qy       2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2942 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3001

Qy       2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3002 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3061

Qy       3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3062 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3121

Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3122 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3181

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3182 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3241

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3242 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3301

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3302 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3361

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3362 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3421

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3422 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3481

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3482 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3541

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3542 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3601

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3602 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3661

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3662 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3721

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3722 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3781

Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3797
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3782 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3816
```

```
RESULT 9
AAC66825
ID   AAC66825 standard; cDNA; 4275 BP.
XX
AC   AAC66825;
XX
DT   27-FEB-2001  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase II coding sequence SEQ ID NO: 5.
XX
KW   Human; tankyrase II; telomere length; signal transduction; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             284. .3784
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "tankyrase II"
FT                   /transl_except= (pos:655. .660,aa:TyrThr)
XX
PN   WO200061813-A1.
XX
PD   19-OCT-2000.
XX
PF   10-APR-2000; 2000WO-US009558.
XX
PR   09-APR-1999;   99US-0128577P.
PR   13-APR-1999;   99US-0129123P.
XX
PA   (GERO-) GERON CORP.
XX
PI   Morin GB,  Funk WD,  Piatyszek MA;
XX
DR   WPI; 2000-679503/66.
DR   P-PSDB; AAB27211.
XX
PT   Novel mammalian Tankyrase II polypeptide and the polynucleotide encoding
PT   the polypeptide useful for modulating or maintaining telomere length,
PT   replicative capacity, apoptosis, chromosome packing or gene expression.
XX
PS   Claim 1; Fig 4; 52pp; English.
XX
CC   The present sequence is a version of the human tankyrase II coding
CC   sequence. Its protein is thought to be involved in signal transduction in
CC   the cell, and to have binding activity for other telomere-associated
CC   proteins. It is possible that it plays a role in the regulation of
CC   telomere length, thus affecting the replicative ability of the cell. The
CC   protein is useful for ribosylating target proteins, for determining
CC   tankyrase II binding activity in a sample, and for modulating telomere
CC   length in a cell
XX
SQ   Sequence 4275 BP; 1247 A; 889 C; 1025 G; 1114 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             89.2%;  Score 3388.8;  DB 3;  Length 4275;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3390;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db        481 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 540

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 600

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 660

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 720

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 780

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 840

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 900

Qy        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 960

Qy        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 1020

Qy        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1080

Qy       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1140

Qy       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1200

Qy       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1260

Qy       1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1320

Qy       1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1380

Qy       1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1440

Qy       1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1500

Qy       1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1560

Qy       1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1620

Qy       1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1680

Qy       1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1740

Qy       1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1800

Qy       1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1860

Qy       1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1920

Qy       1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1980

Qy       1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2040

Qy       1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2100

Qy       2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db       2101 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2160

Qy       2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2220

Qy       2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2280

Qy       2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2340

Qy       2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2400

Qy       2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2460

Qy       2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2520

Qy       2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2521 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2580

Qy      2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2581 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2640

Qy      2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2641 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2700

Qy      2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2701 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2760

Qy      2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2761 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2820

Qy      2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2821 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2880

Qy      2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2881 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2940

Qy      2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2941 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 3000

Qy      2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3001 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3060

Qy      2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3061 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3120

Qy      3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3121 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3180

Qy      3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3181 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3240

Qy      3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3241 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3300

Qy      3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3301 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3360

Qy      3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3361 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3420

Qy      3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3421 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3480

Qy      3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3481 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3540

Qy      3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3541 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3600

Qy      3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3601 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3660
```

```
Qy      3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3661 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3720

Qy      3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3721 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3780

Qy      3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3781 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3840

Qy      3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
             ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3841 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3872


RESULT 10
AAC85294
ID   AAC85294 standard; cDNA; 6019 BP.
XX
AC   AAC85294;
XX
DT   29-MAR-2001  (first entry)
XX
DE   Human SPANK cDNA.
XX
KW   SPANK; SAM; sterile alpha motif; PARP; insulin resistance;
KW   poly adenosine diphosphate-ribose polymerase; catalytic domain; ANK;
KW   ankyrin repeat; cytosol; insulin-responsive aminopeptidase; IRAP; GLUT4;
KW   adipocyte; insulin signalling pathway; hyperlipidaemia;
KW   glucose intolerance; atheromatous disease; atherosclerosis; obesity;
KW   cardiac insufficiency; coronary insufficiency; stroke;
KW   high blood pressure; non-insulin dependent diabetes; hypertension;
KW   hyperuricemia; Syndrome X; muscular dystrophy; muscle atrophy; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             252. .3735
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "Human SPANK"
FT                   /transl_except= (pos:768. .878,aa:173. .209)
FT                   /transl_except= (pos:1230. .1337,aa:327. .362)
FT                   /transl_except= (pos:1374. .1445,aa:375. .398)
FT                   /transl_except= (pos:1695. .1823,aa:482. .524)
FT                   /transl_except= (pos:2172. .2282,aa:641. .677)
XX
PN   WO200077225-A1.
XX
PD   21-DEC-2000.
XX
PF   09-JUN-2000; 2000WO-US015926.
XX
PR   11-JUN-1999;   99US-0138957P.
XX
PA   (WHED ) WHITEHEAD INST BIOMEDICAL RES.
PA   (GEHO ) GEN HOSPITAL CORP.
XX
PI   Chi N,  Lodish HF;
XX
DR   WPI; 2001-091404/10.
DR   P-PSDB; AAB47022.
XX
PT   New insulin signaling protein SPANK, useful for reducing body mass,
PT   glucose intolerance or insulin resistance and for preventing or treating
PT   obesity-related and muscle-related diseases.
XX
PS   Claim 3; Fig 4; 65pp; English.
XX
CC   This sequence represents the human SPANK cDNA. The SPANK protein
CC   comprises 3 domains: (a) a SAM (sterile alpha motif) domain; (b) a PARP
CC   (poly adenosine diphosphate-ribose polymerase) catalytic domain; and (c)
CC   an ANK domain composed of ankyrin repeats. SPANK is a cytosolic protein
CC   which can poly(ADP-ribosyl)ate itself. SPANK binds insulin-responsive
CC   aminopeptidase (IRAP) and modulates translocation of GLUT4 in the
CC   perinuclear region of adipocytes. It is an effector in the insulin
CC   signalling pathway in eukaryotic cells. SPANK is useful for reducing body
CC   mass, reducing glucose intolerance or insulin resistance, for preventing
CC   or treating obesity-related diseases or disorders, such as obesity,
CC   cardiac insufficiency, coronary insufficiency, stroke, hypertension,
CC   atheromatous disease, atherosclerosis, high blood pressure, non-insulin
CC   dependent diabetes, hyperlipidaemia, hyperuricemia and Syndrome X and is
CC   also useful for preventing or treating muscle-related diseases or
CC   disorders, such as muscular dystrophy, muscle atrophy and muscle fatigue.
CC   Antibodies immunospecific for SPANK are useful for detecting the presence
CC   of SPANK polypeptide in a biological sample
XX
SQ   Sequence 6019 BP; 1732 A; 1173 C; 1341 G; 1773 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             89.2%;  Score 3388.8;  DB 4;  Length 6019;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3390;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy      403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db      449 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 508

Qy      463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      509 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 568

Qy      523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      569 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 628

Qy      583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      629 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 688

Qy      643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      689 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 748

Qy      703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      749 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 808

Qy      763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      809 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 868

Qy      823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      869 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 928

Qy      883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      929 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 988

Qy      943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      989 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1048

Qy     1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1049 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1108

Qy     1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1109 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1168

Qy     1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1169 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1228

Qy     1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1229 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1288

Qy     1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1289 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1348

Qy     1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1349 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1408

Qy     1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1409 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1468

Qy     1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1469 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1528

Qy     1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1529 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1588

Qy     1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1589 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1648

Qy     1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1649 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1708

Qy     1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1709 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1768

Qy     1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1769 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1828

Qy     1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1829 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1888

Qy     1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1889 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1948

Qy     1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1949 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2008

Qy     1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2009 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2068

Qy     2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db     2069 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2128

Qy     2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2129 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2188

Qy     2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2189 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2248

Qy     2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2249 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2308
```

```
Qy      2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2309 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2368

Qy      2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2369 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2428

Qy      2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2429 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2488

Qy      2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2489 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2548

Qy      2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2549 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2608

Qy      2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2609 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2668

Qy      2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2669 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2728

Qy      2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2729 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2788

Qy      2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2789 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2848

Qy      2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2849 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2908

Qy      2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2909 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2968

Qy      2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2969 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3028

Qy      2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3029 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3088

Qy      3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3089 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3148

Qy      3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3149 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3208

Qy      3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3209 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3268

Qy      3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3269 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3328

Qy      3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3329 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3388

Qy      3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3389 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3448

Qy      3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3449 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3508

Qy      3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3509 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3568

Qy      3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3569 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3628

Qy      3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3629 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3688

Qy      3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3689 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3748

Qy      3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3749 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3808

Qy      3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
             ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3809 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3840


RESULT 11
AAF63926
ID   AAF63926 standard; DNA; 4127 BP.
XX
AC   AAF63926;
XX
DT   05-APR-2001  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase2 clone consensus oligonucleotide SEQ ID NO: 100.
XX
KW   Human; tankyrase2; TANK2; TRF1; telomere; cancer; neoplasm; aging;
KW   inflammatory disorder; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200100849-A1.
XX
PD   04-JAN-2001.
XX
PF   28-JUN-2000; 2000WO-US017827.
XX
PR   29-JUN-1999;   99US-0141582P.
XX
PA   (ICOS-) ICOS CORP.
XX
PI   Christenson E,  Demaggio AJ,  Goldman PS,  Mcelligott DL;
XX
DR   WPI; 2001-102896/11.
DR   P-PSDB; AAB66288.
XX
PT   New tankyrase2 polypeptides, useful for treating conditions mediated by
PT   poly(adenosine diphosphate-ribose) polymerase activity e.g. cancers,
PT   inflammatory and autoimmune disorders.
XX
PS   Example 1; Page 158-162; 242pp; English.
XX
CC   The present invention provides the protein and coding sequence for the
CC   human tankyrase2 protein. This is found in two different versions,
CC   designated TANK2-LONG and TANK2-SHORT. Tankyrase2 has polyADP-
CC   ribosylation activity and is involved in the modification of TRF1, which
CC   is a telomere-specific binding protein. The regulation of telomere
CC   length, in which TRF1 has a role, is linked to ageing and cancer. The
CC   sequences are useful in the treatment of cancers and inflammatory
CC   disorders
XX
SQ   Sequence 4127 BP; 1245 A; 813 C; 934 G; 1135 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             89.2%;  Score 3387.2;  DB 5;  Length 4127;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Db        208 AGGTTTTGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 267

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        268 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 327

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        328 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 387

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        388 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 447

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        448 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 507

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        508 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 567

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        568 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 627

Qy        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        628 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 687

Qy        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        688 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 747

Qy        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        748 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 807

Qy       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        808 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 867

Qy       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        868 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 927

Qy       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        928 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 987

Qy       1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        988 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1047

Qy       1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1048 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1107

Qy       1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1108 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1167

Qy       1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1168 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1227

Qy       1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1228 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1287

Qy       1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1288 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1347

Qy       1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1348 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1407

Qy       1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1408 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1467

Qy       1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1468 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1527

Qy       1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1528 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1587

Qy       1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1588 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1647

Qy       1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1648 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1707

Qy       1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1708 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1767

Qy       1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1768 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 1827

Qy       2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db       1828 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 1887

Qy       2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1888 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 1947

Qy       2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1948 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2007

Qy       2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2008 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2067

Qy       2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2068 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2127

Qy       2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2128 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2187

Qy       2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2188 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2247
```

```
Qy       2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2248 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2307

Qy       2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2308 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2367

Qy       2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
              ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2368 AGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2427

Qy       2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2428 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2487

Qy       2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2488 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2547

Qy       2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2548 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2607

Qy       2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2608 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2667

Qy       2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2668 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2727

Qy       2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2728 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2787

Qy       2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2788 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 2847

Qy       3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2848 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 2907

Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2908 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 2967

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2968 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3027

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3028 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3087

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3088 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3147

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3148 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3207

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3208 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3267

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3268 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3327

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3328 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3387

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3388 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3447

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3448 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3507

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3508 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3567

Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3568 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3599


RESULT 12
AAF63930
ID   AAF63930 standard; DNA; 4406 BP.
XX
AC   AAF63930;
XX
DT   05-APR-2001  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase2 clone consensus oligonucleotide SEQ ID NO: 106.
XX
KW   Human; tankyrase2; TANK2; TRF1; telomere; cancer; neoplasm; aging;
KW   inflammatory disorder; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200100849-A1.
XX
PD   04-JAN-2001.
XX
PF   28-JUN-2000; 2000WO-US017827.
XX
PR   29-JUN-1999;   99US-0141582P.
XX
PA   (ICOS-) ICOS CORP.
XX
PI   Christenson E,  Demaggio AJ,  Goldman PS,  Mcelligott DL;
XX
DR   WPI; 2001-102896/11.
DR   P-PSDB; AAB66290.
XX
PT   New tankyrase2 polypeptides, useful for treating conditions mediated by
PT   poly(adenosine diphosphate-ribose) polymerase activity e.g. cancers,
PT   inflammatory and autoimmune disorders.
XX
PS   Example 2; Page 168-173; 242pp; English.
XX
CC   The present invention provides the protein and coding sequence for the
CC   human tankyrase2 protein. This is found in two different versions,
CC   designated TANK2-LONG and TANK2-SHORT. Tankyrase2 has polyADP-
CC   ribosylation activity and is involved in the modification of TRF1, which
CC   is a telomere-specific binding protein. The regulation of telomere
CC   length, in which TRF1 has a role, is linked to ageing and cancer. The
CC   sequences are useful in the treatment of cancers and inflammatory
CC   disorders
XX
SQ   Sequence 4406 BP; 1268 A; 910 C; 1054 G; 1174 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             89.2%;  Score 3387.2;  DB 5;  Length 4406;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db        487 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 546

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        547 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 606

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        607 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 666

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        667 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 726

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        727 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 786

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        787 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 846

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        847 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 906

Qy        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        907 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 966

Qy        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        967 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 1026

Qy        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1027 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1086

Qy       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1087 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1146

Qy       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1147 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1206

Qy       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1207 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1266

Qy       1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1267 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1326

Qy       1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1327 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1386

Qy       1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1387 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1446

Qy       1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1447 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1506

Qy       1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1507 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1566

Qy       1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1567 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1626

Qy       1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1627 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1686

Qy       1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1687 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1746

Qy       1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1747 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1806

Qy       1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1807 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1866

Qy       1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1867 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1926

Qy       1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1927 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1986

Qy       1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1987 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2046

Qy       1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2047 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2106

Qy       2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db       2107 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2166

Qy       2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2167 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2226

Qy       2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2227 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2286

Qy       2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2287 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2346

Qy       2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2347 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2406

Qy       2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2407 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2466

Qy       2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2467 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2526

Qy       2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2527 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2586

Qy       2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2587 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2646

Qy       2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
              ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2647 AGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2706
```

```
Qy       2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2707 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2766

Qy       2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2767 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2826

Qy       2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2827 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2886

Qy       2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2887 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2946

Qy       2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2947 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 3006

Qy       2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3007 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3066

Qy       2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3067 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3126

Qy       3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3127 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3186

Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3187 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3246

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3247 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3306

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3307 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3366

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3367 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3426

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3427 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3486

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3487 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3546

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3547 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3606

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3607 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3666

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3667 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3726

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3727 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3786

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3787 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3846

Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3847 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3878


RESULT 13
AAF63953
ID   AAF63953 standard; DNA; 4992 BP.
XX
AC   AAF63953;
XX
DT   05-APR-2001  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase2 TANK2-SHORT coding sequence SEQ ID NO: 134.
XX
KW   Human; tankyrase2; TANK2; TRF1; telomere; cancer; neoplasm; aging;
KW   inflammatory disorder; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200100849-A1.
XX
PD   04-JAN-2001.
XX
PF   28-JUN-2000; 2000WO-US017827.
XX
PR   29-JUN-1999;   99US-0141582P.
XX
PA   (ICOS-) ICOS CORP.
XX
PI   Christenson E,  Demaggio AJ,  Goldman PS,  Mcelligott DL;
XX
DR   WPI; 2001-102896/11.
DR   P-PSDB; AAB66295.
XX
PT   New tankyrase2 polypeptides, useful for treating conditions mediated by
PT   poly(adenosine diphosphate-ribose) polymerase activity e.g. cancers,
PT   inflammatory and autoimmune disorders.
XX
PS   Claim 6; Page 195-200; 242pp; English.
XX
CC   The present invention provides the protein and coding sequence for the
CC   human tankyrase2 protein. This is found in two different versions,
CC   designated TANK2-LONG and TANK2-SHORT. Tankyrase2 has polyADP-
CC   ribosylation activity and is involved in the modification of TRF1, which
CC   is a telomere-specific binding protein. The regulation of telomere
CC   length, in which TRF1 has a role, is linked to ageing and cancer. The
CC   sequences are useful in the treatment of cancers and inflammatory
CC   disorders
XX
SQ   Sequence 4992 BP; 1454 A; 1064 C; 1191 G; 1283 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             89.2%;  Score 3387.2;  DB 5;  Length 4992;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db       1073 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 1132

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1133 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 1192

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1193 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 1252

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1253 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 1312

Qy      643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1313 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 1372

Qy      703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1373 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 1432

Qy      763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1433 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 1492

Qy      823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1493 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 1552

Qy      883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1553 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 1612

Qy      943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1613 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1672

Qy     1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1673 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1732

Qy     1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1733 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1792

Qy     1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1793 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1852

Qy     1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1853 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1912

Qy     1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1913 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1972

Qy     1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1973 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 2032

Qy     1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2033 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 2092

Qy     1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2093 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 2152

Qy     1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2153 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 2212

Qy     1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2213 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 2272

Qy     1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2273 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 2332

Qy     1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2333 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 2392

Qy     1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2393 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 2452

Qy     1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2453 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 2512

Qy     1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2513 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 2572

Qy     1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2573 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2632

Qy     1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2633 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2692

Qy     2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAAACAGGATGGAAA 2082
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db     2693 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAAACAGGATGGAAA 2752

Qy     2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2753 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2812

Qy     2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2813 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2872

Qy     2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2873 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2932

Qy     2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2933 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2992

Qy     2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2993 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 3052

Qy     2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3053 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 3112

Qy     2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3113 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 3172

Qy     2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3173 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 3232

Qy     2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
            ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3233 AGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 3292

Qy     2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3293 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 3352

Qy     2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3353 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 3412

Qy     2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3413 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 3472
```

```
Qy       2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3473 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 3532

Qy       2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3533 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 3592

Qy       2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3593 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3652

Qy       2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3653 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3712

Qy       3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3713 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3772

Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3773 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3832

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3833 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3892

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3893 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3952

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3953 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 4012

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4013 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 4072

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4073 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 4132

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4133 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 4192

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4193 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 4252

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4253 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 4312

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4313 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 4372

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4373 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 4432

Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4433 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 4464


RESULT 14
AAF63952
ID   AAF63952 standard; DNA; 5002 BP.
XX
AC   AAF63952;
XX
DT   05-APR-2001  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase2 TANK2-LONG coding sequence SEQ ID NO: 132.
XX
KW   Human; tankyrase2; TANK2; TRF1; telomere; cancer; neoplasm; aging;
KW   inflammatory disorder; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200100849-A1.
XX
PD   04-JAN-2001.
XX
PF   28-JUN-2000; 2000WO-US017827.
XX
PR   29-JUN-1999;   99US-0141582P.
XX
PA   (ICOS-) ICOS CORP.
XX
PI   Christenson E,  Demaggio AJ,  Goldman PS,  Mcelligott DL;
XX
DR   WPI; 2001-102896/11.
DR   P-PSDB; AAB66294.
XX
PT   New tankyrase2 polypeptides, useful for treating conditions mediated by
PT   poly(adenosine diphosphate-ribose) polymerase activity e.g. cancers,
PT   inflammatory and autoimmune disorders.
XX
PS   Claim 5; Page 185-190; 242pp; English.
XX
CC   The present invention provides the protein and coding sequence for the
CC   human tankyrase2 protein. This is found in two different versions,
CC   designated TANK2-LONG and TANK2-SHORT. Tankyrase2 has polyADP-
CC   ribosylation activity and is involved in the modification of TRF1, which
CC   is a telomere-specific binding protein. The regulation of telomere
CC   length, in which TRF1 has a role, is linked to ageing and cancer. The
CC   sequences are useful in the treatment of cancers and inflammatory
CC   disorders
XX
SQ   Sequence 5002 BP; 1456 A; 1065 C; 1196 G; 1285 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             89.2%;  Score 3387.2;  DB 5;  Length 5002;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db       1083 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 1142

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1143 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 1202

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1203 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 1262

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1263 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 1322

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1323 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 1382

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1383 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 1442

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1443 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 1502

Qy    823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1503 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 1562

Qy    883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1563 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 1622

Qy    943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1623 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1682

Qy   1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1683 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1742

Qy   1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1743 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1802

Qy   1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1803 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1862

Qy   1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1863 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1922

Qy   1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1923 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1982

Qy   1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1983 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 2042

Qy   1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2043 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 2102

Qy   1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2103 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 2162

Qy   1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2163 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 2222

Qy   1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2223 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 2282

Qy   1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2283 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 2342

Qy   1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2343 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 2402

Qy   1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2403 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 2462

Qy   1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2463 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 2522

Qy   1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2523 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 2582

Qy   1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2583 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2642

Qy   1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2643 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2702

Qy   2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db   2703 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2762

Qy   2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2763 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2822

Qy   2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2823 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2882

Qy   2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2883 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2942

Qy   2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2943 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 3002

Qy   2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3003 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 3062

Qy   2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3063 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 3122

Qy   2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3123 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 3182

Qy   2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3183 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 3242

Qy   2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
          ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3243 AGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 3302

Qy   2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3303 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 3362

Qy   2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3363 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 3422

Qy   2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3423 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 3482

Qy   2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3483 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 3542

Qy   2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3543 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 3602

Qy   2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3603 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3662
```

```
Qy       2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3663 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3722

Qy       3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3723 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3782

Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3783 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3842

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3843 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3902

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3903 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3962

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3963 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 4022

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4023 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 4082

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4083 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 4142

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4143 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 4202

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4203 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 4262

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4263 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 4322

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4323 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 4382

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4383 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 4442

Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4443 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 4474


RESULT 15
ABZ11674
ID   ABZ11674 standard; cDNA; 5075 BP.
XX
AC   ABZ11674;
XX
DT   20-JAN-2003  (first entry)
XX
DE   Human polynucleotide SEQ ID NO 556.
XX
KW   Human; genome mapping; gene therapy; food supplement; virus; fungus;
KW   cell-proliferative disorder; neurodegenerative disease; bacterial;
KW   Parkinson's disease; Alzheimer's disease; autoimmune disease;
KW   multiple sclerosis; diabetes; genetic disorder; wound; burn; infection;
KW   arthritis; cytostatic; immunomodulator; nootropic; neuroprotective;
KW   antiparkinsonian; antidiabetic; immunosuppressive; dermatological;
KW   haemostatic; vulnerary; fungicide; antibacterial; virucide; protozoacide;
KW   antiarthritic; gene; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200270539-A2.
XX
PD   12-SEP-2002.
XX
PF   05-MAR-2002; 2002WO-US005095.
XX
PR   05-MAR-2001; 2001US-00799451.
XX
PA   (HYSE-) HYSEQ INC.
XX
PI   Tang YT,  Zhou P,  Goodrich RW,  Asundi V,  Zhang J,  Zhao QA,  Ren F;
PI   Xue AJ,  Yang Y,  Ma Y,  Yamazaki V,  Chen R,  Wang Z,  Ghosh M;
PI   Wehrman T,  Wang J,  Wang D,  Drmanac RT;
XX
DR   WPI; 2002-759812/82.
DR   P-PSDB; ABP69457.
XX
PT   New polynucleotides comprising sequences assembled from expressed
PT   sequence tags (ESTs), useful for treating cell-proliferative,
PT   neurodegenerative, autoimmune, genetic, myeloid or lymphoid, or platelet
PT   or coagulation disorders.
XX
PS   Claim 1; SEQ ID NO 556; 1012pp + Sequence Listing; English.
XX
CC   The invention relates to an isolated polynucleotide (I) comprising a
CC   nucleotide sequence selected from any of 948 sequences (ABZ11119-
CC   ABZ12066) or their mature protein coding portion, active domain coding
CC   protein or complementary sequences. The polynucleotides are useful for
CC   identifying expressed genes or for physical mapping of human genome. The
CC   encoded polypeptides (ABP68902-ABP69849) are useful as molecular weight
CC   markers, as a food supplement, for generating antibodies, in medical
CC   imaging, screening and diagnostic assays and for treating cell-
CC   proliferative disorders (cancer), neurodegenerative diseases (Parkinson's
CC   or Alzheimer's disease), autoimmune diseases (multiple sclerosis,
CC   diabetes, lupus) genetic disorders, myeloid or lymphoid disorders,
CC   platelet or coagulation disorders, wound, burns, incision, ulcers, liver
CC   or lung fibrosis, infections (bacterial, viral, fungal, parasitic),
CC   arthritis, etc. Note: The sequence data for this patent did not form part
CC   of the printed specification, but was obtained in electronic format
CC   directly from WIPO at ftp.wipo.int/pub/published_pct_sequences
XX
SQ   Sequence 5075 BP; 1487 A; 1055 C; 1166 G; 1367 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             89.2%;  Score 3387.2;  DB 6;  Length 5075;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||||||
Db        450 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAAAATGGTGCAAATGTCCAAGC 509

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        510 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 569

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        570 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 629

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        630 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 689

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        690 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 749

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         750 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 809

Qy         763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         810 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 869

Qy         823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         870 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 929

Qy         883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         930 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 989

Qy         943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         990 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1049

Qy        1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1050 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1109

Qy        1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1110 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1169

Qy        1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1170 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1229

Qy        1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1230 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1289

Qy        1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1290 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1349

Qy        1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1350 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1409

Qy        1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1410 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1469

Qy        1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1470 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1529

Qy        1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1530 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1589

Qy        1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1590 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1649

Qy        1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1650 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1709

Qy        1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1710 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1769

Qy        1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1770 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1829

Qy        1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1830 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1889

Qy        1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1890 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1949

Qy        1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1950 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2009

Qy        1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2010 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2069

Qy        2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db        2070 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2129

Qy        2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2130 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2189

Qy        2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2190 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2249

Qy        2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2250 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2309

Qy        2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2310 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2369

Qy        2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2370 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2429

Qy        2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2430 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2489

Qy        2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2490 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2549

Qy        2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2550 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2609

Qy        2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2610 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2669

Qy        2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2670 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2729

Qy        2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2730 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2789

Qy        2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2790 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2849

Qy        2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2850 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2909

Qy        2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2910 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2969
```

```
Qy       2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2970 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3029

Qy       2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3030 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3089

Qy       3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3090 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3149

Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3150 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3209

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3210 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3269

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3270 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3329

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3330 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3389

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3390 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3449

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3450 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3509

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3510 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3569

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3570 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3629

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3630 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3689

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3690 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3749

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3750 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3809

Qy       3763 CCTCTACGTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAA 3794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3810 CCTCTACGTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAA 3841

Search completed: December 18, 2006, 13:14:52
Job time : 2059.86 secs
```

```
                         GenCore version 5.1.9
                 Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.


OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on:          December 18, 2006, 13:00:27 ; Search time 16793.5 Seconds
                                              (without alignments)
                                              12643.339 Million cell updates/sec

Title:           US-10-616-101-1
Perfect score:   3797
Sequence:        1 ctttgaagacactggatttc..........cctttgctgaaaaaaaaaaa 3797

Scoring table:   IDENTITY_NUC
                 Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched:        48236798 seqs, 27959665780 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      96473596

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       EST:*
                 1:  gb_est1:*
                 2:  gb_est3:*
                 3:  gb_est4:*
                 4:  gb_est5:*
                 5:  gb_est6:*
                 6:  gb_htc:*
                 7:  gb_est2:*
                 8:  gb_est7:*
                 9:  gb_est8:*
                 10:  gb_est9:*
                 11:  gb_gss1:*
                 12:  gb_gss2:*
                 13:  gb_gss3:*
                 14:  gb_gss4:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                                 SUMMARIES
                    %
Result              Query
  No.    Score     Match Length DB  ID                       Description
 ---------------------------------------------------------------------------
     1  1609.8    42.4    3417  6   AK048860                 AK048860 Mus muscu
     2  1481.8    39.0    2226  6   AK149368                 AK149368 Mus muscu
     3  1369.8    36.1    1967  6   AK047094                 AK047094 Mus muscu
     4  1360.4    35.8    3194  6   AK080913                 AK080913 Mus muscu
     5  1221.6    32.2    3612  14   DQ034114                 DQ034114 Homo sapi
     6   892.2    23.5    3107  14   DQ034115                 DQ034115 Pan trogl
     7   884.4    23.3     888  8   CR983155                 CR983155 CR983155
     8   859.6    22.6     926  8   CR987822                 CR987822 CR987822
     9   784.2    20.7     838  1   AU140145                 AU140145 AU140145
    10   770.6    20.3     898  10   DT808067                 DT808067 LB0173.CR
c   11   766.8    20.2     834  5   CK847047                 CK847047 969630 MA
    12     709    18.7     848  9   DN536421                 DN536421 1372517 M
    13   692.8    18.2     819  9   DA733094                 DA733094 DA733094
    14   687.8    18.1     955  4   CB183123                 CB183123 AGENCOURT
    15   672.4    17.7     675  4   CB128566                 CB128566 K-EST0178
    16   672.2    17.7    1128  2   BM457025                 BM457025 AGENCOURT
c   17   665.2    17.5     754  4   CB170279                 CB170279 CEY603161
    18   661.4    17.4     663  9   DA326495                 DA326495 DA326495
    19     652    17.2     661  8   CR767085                 CR767085 DKFZp469A
```

```
c   20     652    17.2     923  5   CF407574                 CF407574 CH3#049_C
    21   649.2    17.1     659  10   R64714                   R64714 EST54a09 WA
    22   648.2    17.1     781  8   CN525726                 CN525726 UI-M-HN0-
    23   644.2    17.0     753  8   CV558255                 CV558255 UI-M-HZ0-
    24   643.8    17.0     691  2   BG391376                 BG391376 602417447
c   25     643    16.9     750  9   DN537809                 DN537809 1374053 M
    26   642.8    16.9     759  1   AL601027                 AL601027 DKFZp313G
    27     637    16.8     709  4   BX925031                 BX925031 BX925031
    28   636.6    16.8     756  8   CN459472                 CN459472 UI-M-HN0-
    29   635.4    16.7     759  5   CK635046                 CK635046 UI-M-HN0-
    30   634.4    16.7     950  3   BQ885764                 BQ885764 AGENCOURT
    31   632.6    16.7     743  5   CF539235                 CF539235 UI-M-GH0-
    32   629.2    16.6     642  8   CR550014                 CR550014 DKFZp459D
    33   628.8    16.6     730  9   DN268735                 DN268735 LIB30320_
    34     623    16.4     729  8   CN527536                 CN527536 UI-M-HQ0-
    35   622.8    16.4     638  4   BX474686                 BX474686 DKFZp686J
    36   620.4    16.3     728  8   CN529262                 CN529262 UI-M-HQ0-
    37   618.2    16.3     682  9   DA733093                 DA733093 DA733093
    38   617.6    16.3     740  8   CO433927                 CO433927 UI-M-HX0-
    39   617.2    16.3     776  8   CO434293                 CO434293 UI-M-HX0-
    40   616.4    16.2     724  5   CF533694                 CF533694 UI-M-FY0-
    41   615.4    16.2     732  8   CO429777                 CO429777 UI-M-HX0-
    42   614.2    16.2     747  5   CF727485                 CF727485 UI-M-HB0-
    43     612    16.1     733  8   CN534125                 CN534125 UI-M-HO0-
    44   610.6    16.1     746  8   CN455195                 CN455195 UI-M-HN0-
    45     605    15.9     648  2   BG875327                 BG875327 RC1-BT062


                                 ALIGNMENTS


RESULT 1
AK048860
LOCUS       AK048860                3417 bp    mRNA    linear   HTC 02-SEP-2005
DEFINITION  Mus musculus 0 day neonate cerebellum cDNA, RIKEN full-length
            enriched library, clone:C230076L23 product:tankyrase,
            TRF1-interacting ankyrin-related ADP-ribose polymerase, full insert
            sequence.
ACCESSION   AK048860
VERSION     AK048860.1  GI:26339607
KEYWORDS    HTC; CAP trapper.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia;
            Sciurognathi; Muroidea; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Carninci,P. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     High-efficiency full-length cDNA cloning
  JOURNAL   Meth. Enzymol. 303, 19-44 (1999)
   PUBMED   10349636
REFERENCE   2
  AUTHORS   Carninci,P., Shibata,Y., Hayatsu,N., Sugahara,Y., Shibata,K.,
            Itoh,M., Konno,H., Okazaki,Y., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Normalization and subtraction of cap-trapper-selected cDNAs to
            prepare full-length cDNA libraries for rapid discovery of new genes
  JOURNAL   Genome Res. 10 (10), 1617-1630 (2000)
   PUBMED   11042159
REFERENCE   3
  AUTHORS   Shibata,K., Itoh,M., Aizawa,K., Nagaoka,S., Sasaki,N., Carninci,P.,
            Konno,H., Akiyama,J., Nishi,K., Kitsunai,T., Tashiro,H., Itoh,M.,
            Sumi,N., Ishii,Y., Nakamura,S., Hazama,M., Nishine,T., Harada,A.,
            Yamamoto,R., Matsumoto,H., Sakaguchi,S., Ikegami,T., Kashiwagi,K.,
            Fujiwake,S., Inoue,K., Togawa,Y., Izawa,M., Ohara,E., Watahiki,M.,
            Yoneda,Y., Ishikawa,T., Ozawa,K., Tanaka,T., Matsuura,S., Kawai,J.,
            Okazaki,Y., Muramatsu,M., Inoue,Y., Kira,A. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     RIKEN integrated sequence analysis (RISA) system--384-format
            sequencing pipeline with 384 multicapillary sequencer
  JOURNAL   Genome Res. 10 (11), 1757-1771 (2000)
   PUBMED   11076861
REFERENCE   4
  AUTHORS   The RIKEN Genome Exploration Research Group Phase II Team and the
            FANTOM Consortium.
  TITLE     Functional annotation of a full-length mouse cDNA collection
  JOURNAL   Nature 409, 685-690 (2001)
REFERENCE   5
  AUTHORS   The FANTOM Consortium, the RIKEN Genome Exploration Research Group
            Phase I and II Team.
  TITLE     Analysis of the mouse transcriptome based on functional annotation
            of 60,770 full-length cDNAs
  JOURNAL   Nature 420, 563-573 (2002)
REFERENCE   6
  AUTHORS   RIKEN Genome Exploration Research Group, Genome Science Group
            (Genome Network Core Team) and the FANTOM Consortium.
  TITLE     Antisense Transcription in the Mammalian Transcriptome
  JOURNAL   Science 309, 1564-1566 (2005)
REFERENCE   7
  AUTHORS   The FANTOM Consortium, Riken Genome Exploration Research Group and
            Genome Science Group (Genome Network Project Core Group).
  TITLE     The Transcriptional Landscape of the Mammalian Genome
  JOURNAL   Science 309, 1559-1563 (2005)
REFERENCE   8  (bases 1 to 3417)
  AUTHORS   Adachi,J., Aizawa,K., Akimura,T., Arakawa,T., Bono,H., Carninci,P.,
            Fukuda,S., Furuno,M., Hanagaki,T., Hara,A., Hashizume,W.,
            Hayashida,K., Hayatsu,N., Hiramoto,K., Hiraoka,T., Hirozane,T.,
            Hori,F., Imotani,K., Ishii,Y., Itoh,M., Kagawa,I., Kasukawa,T.,
            Katoh,H., Kawai,J., Kojima,Y., Kondo,S., Konno,H., Kouda,M.,
            Koya,S., Kurihara,C., Matsuyama,T., Miyazaki,A., Murata,M.,
            Nakamura,M., Nishi,K., Nomura,K., Numazaki,R., Ohno,M., Ohsato,N.,
            Okazaki,Y., Saito,R., Saitoh,H., Sakai,C., Sakai,K., Sakazume,N.,
            Sano,H., Sasaki,D., Shibata,K., Shinagawa,A., Shiraki,T.,
            Sogabe,Y., Tagami,M., Tagawa,A., Takahashi,F., Takaku-Akahira,S.,
            Takeda,Y., Tanaka,T., Tomaru,A., Toya,T., Yasunishi,A.,
            Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (16-JUL-2001) Yoshihide Hayashizaki, The Institute of
            Physical and Chemical Research (RIKEN), Laboratory for Genome
            Exploration Research Group, RIKEN Genomic Sciences Center (GSC),
            RIKEN Yokohama Institute; 1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama,
            Kanagawa, 230-0045, Japan (E-mail:genome-res@gsc.riken.jp,
            URL:http://genome.gsc.riken.jp/, Tel:81-45-503-9222,
            Fax:81-45-503-9216)
COMMENT     cDNA library was prepared and sequenced in Mouse Genome
            Encyclopedia Project of Genome Exploration Research Group in Riken
            Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in RIKEN.
            Division of Experimental Animal Research in Riken contributed to
            prepare mouse tissues.
            Please visit our web site for further details.
            URL:http://genome.gsc.riken.jp/
            URL:http://fantom.gsc.riken.jp/.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .3417
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="FANTOM_DB:C230076L23"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="C230076L23"
                     /tissue_type="cerebellum"
                     /clone_lib="RIKEN full-length enriched mouse cDNA library"
                     /dev_stage="0 day neonate"
     CDS             423. .3353
                     /note="unnamed protein product; putative
                     tankyrase, TRF1-interacting ankyrin-related ADP-ribose
                     polymerase (MGD|MGI:1341087 GB|AA415426, evidence: BLASTN,
                     99%, match=439)"
                     /codon_start=1
                     /protein_id="BAC33475.1"
                     /db_xref="GI:26339608"
                     /translation="MALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQHGADV
                     HAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSL
                     LLSHGADPTLVNCHGKSAVDMAPTPELRERLTYEFKGHSLLQAAREADLAKVKKTLAL
                     EIINFKQPQSHETALHCAVASLHPKRKQVAELLLRKGANVNEKNKDFMTPLHVAAERA
                     HNDVMEVLHKHGAKMNALDSLGQTALHRAALAGHLQTCRLLLSYGSDPSIISLQGFTA
                     AQMGNEAVQQILSESTPMRTSDVDYRLLEASKAGDLETVKQLCSPQNVNCRDLEGRHS
                     TPLHFAAGYNRVSVVEYLLHHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASV
                     NVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLKHGADPTKKNRDGNTPLDLVKEGDTDIQDLL
                     RGDAALLDAAKKGCLARVQKLCTPENINCRDTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEH
                     GADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDIAALLIKYNTCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQ
                     LCALLLAHGADPTMKNQEGQTPLDLATADDIRALLIDAMPPEALPTCFKPQATVVSAS
                     VISPASTPSCLSAASSIDNLTGPLTDLAVGGASNAGDGAAGAERKEGEVAGLDMNIIQ
                     FLKSLGLEHLRDIFETEQITLDVLADMGHEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQ
                     GTNPYLTFHCVNQGTILLDLAPEDKEYQSVEEEMQSTIREHRDGGNAGGIFNRYNVIR
                     IQKVVNKKLRERFCHRQKEVSEENHNHHNERMLFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGM
                     FGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPTHKDRSCYICHRQMLFCRVTLGKSFLQFST
                     MKMAHAPPGHHSVIGRPSVNGLAYAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMKPEAPSQTATAA
                     EQKT"
ORIGIN

  Query Match             42.4%;  Score 1609.8;  DB 6;  Length 3417;
  Best Local Similarity   72.4%;  Pred. No. 0;
  Matches 2126;  Conservative    0;  Mismatches  782;  Indels   27;  Gaps    2;

Qy         761 AGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCAC 820
               |||||||| ||||||||||||| | |||||| |||| || ||  ||||||| || |||||
Db         399 AGGAGTGGTAATGAAGAAAAACTAATGGCTTTACTGACTCCTCTAAATGTGAATTGCCAT 458

Qy         821 GCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAG 880
               |||||||||||  ||||||| ||||| |||||  |||||||||| || ||||||||   |
Db         459 GCAAGTGATGGACGAAAGTCTACTCCGTTACACCTGGCAGCAGGCTACAACAGAGTTCGG 518

Qy         881 ATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTG 940
               || || |||||| | || || ||||| ||||||||||| || ||||| |||||||  ||
Db         519 ATAGTTCAGCTGCTTCTACAGCATGGTGCTGATGTCCACGCGAAAGACAAAGGTGGACTT 578

Qy         941 GTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAG 1000
               |||||  | || ||||| || || || || || ||||| || || |||||  || | |||
Db         579 GTACCTCTTCATAATGCATGCTCATACGGACACTATGAGGTCACAGAACTGCTGCTAAAG 638

Qy        1001 CATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCT 1060
               ||||| || ||||| || || |||||  |||||| ||||| || || ||||| || |||
Db         639 CATGGAGCTTGTGTCAACGCTATGGATCTGTGGCAGTTCACACCGCTGCATGAAGCTGCT 698

Qy        1061 TCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTG 1120
               || |||||| |||| ||||| ||||||||  |  | ||| | ||||| || |||||  ||
Db         699 TCAAAGAACCGGGTAGAAGTCTGTTCTCTGTTACTTAGTCACGGTGCCGATCCAACCTTG 758

Qy        1121 CTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGA 1180
                ||||||| ||    ||||||||| | ||| ||||||| || ||  || |    ||||||
Db         759 GTCAATTGCCATGGCAAAAGTGCTGTCGACATGGCTCCAACTCCTGAGCTCCGGGAAAGA 818

Qy        1181 TTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACT 1240
                |  |||||||||||||||||||| || || || ||||| ||  ||||||| ||  |  |
Db         819 CTGACATATGAATTTAAAGGCCATTCTTTACTCCAAGCCGCCAGAGAAGCAGACCTGGCC 878

Qy        1241 CGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAA 1300
                 | | ||||||   ||  || |||||||  | || |||||||| || ||  | ||||||
Db         879 AAAGTTAAAAAAACGCTTGCTTTGGAAATCATTAACTTCAAGCAGCCACAGTCTCATGAA 938

Qy        1301 ACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTG 1360
               || |||||||| |||||||  || ||     ||||||||  |||||||  |    || |||
Db         939 ACTGCATTGCACTGTGCTGTGGCCTCCTTGCATCCCAAACGAAAGCAGGTGGCAGAGCTG 998

Qy        1361 TTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCAC 1420
               || || || || ||||| ||| |||| |||||||  || || ||| |||| ||||||||
Db         999 TTACTGAGGAAGGGAGCCAACGTCAACGAAAAGAACAAGGATTTCATGACCCCTCTGCAT 1058

Qy        1421 GTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAG 1480
               || ||| |||| | |||||||||||||||  | |||||  ||   || || | |||||||
Db        1059 GTTGCAGCTGAAAGAGCTCATAATGATGTCATGGAAGTTCTGCATAAGCACGGAGCAAAG 1118

Qy        1481 GTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCAT 1540
                | ||||| ||||||| ||||||||||||| || | ||||||||||| |     || ||
Db        1119 ATGAATGCACTGGATAGTCTTGGTCAGACTGCTTTGCACAGAGCTGCCTTAGCGGGCCAC 1178

Qy        1541 CTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAG 1600
               || || ||||||||||| ||| |||| ||||| | |||||||  ||| || ||||| ||
Db        1179 CTGCAGACCTGCCGCCTCCTGCTGAGTTATGGCTCTGATCCTTCCATCATCTCCCTGCAA 1238
```

```
Qy       1601 GGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATC 1660
              ||||| || ||    |||||||| ||||||   || || ||  | ||    ||| |||
Db       1239 GGCTTCACGGCAGCGCAGATGGGGAATGAAGCAGTGCAACAGATTCTGAGCGAGAGTACT 1298

Qy       1661 TCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTC 1720
               |  |  | | ||| || |  |||   |   |  | || ||  | || ||||| ||  |
Db       1299 CCTATGCGCACTTCGGACGTGGACTATCGTCTCTTAGAGGCATCGAAAGCTGGTGACTTG 1358

Qy       1721 GAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGT 1780
              |||||||| ||  |||| || |     |||| ||| |||||||||||| | || || ||
Db       1359 GAAACTGTGAAGCAACTCTGCAGCCCGCAGAATGTGAACTGCAGAGACCTGGAGGGCCGG 1418

Qy       1781 CAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTG 1840
              || ||||||||  | || || || || || |||||| | ||||| || || || || ||
Db       1419 CACTCTACACCCTTACACTTCGCTGCAGGCTATAACCGTGTGTCTGTCGTTGAGTACCTT 1478

Qy       1841 CTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAAT 1900
              ||||| |||||||||||||| ||||| ||||| ||||| ||| | || ||  | ||||||
Db       1479 CTACATCATGGAGCTGATGTCCATGCCAAAGACAAAGGTGGCTTGGTTCCCCTTCACAAT 1538

Qy       1901 GCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTT 1960
              || || || |||||||| ||||| || || || ||  | || |  || || ||   |||
Db       1539 GCCTGCTCCTATGGACACTATGAGGTCGCCGAGCTCTTGGTGAGGCACGGGGCTTCAGTC 1598

Qy       1961 AATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATAT 2020
              ||||| || ||  | |||||||| || ||| | |||||||| ||||| || ||||||||
Db       1599 AATGTGGCCGACCTGTGGAAATTCACCCCTCTCCATGAAGCGGCAGCCAAGGGAAAATAC 1658

Qy       2021 GAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGA 2080
              ||||| |||||||| || ||  | ||||| ||||| || || || || ||||| ||||||
Db       1659 GAAATCTGCAAACTCCTTCTAAAACATGGAGCAGATCCAACTAAGAAGAACAGAGATGGA 1718

Qy       2081 AATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGA 2140
              ||||| ||  | ||||| || ||||| ||||| || |||||||| || ||||| |||||
Db       1719 AATACACCCCTAGATCTGGTCAAAGAAGGAGACACGGATATTCAGGACCTGCTGAGGGGC 1778

Qy       2141 GATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCT 2200
              ||||| ||  || | ||||||||||||||||| ||  ||||||||||| ||||| | | |
Db       1779 GATGCTGCCCTGTTGGATGCTGCCAAGAAGGGCTGCCTAGCCAGAGTGCAGAAGCTTTGT 1838

Qy       2201 TCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTA 2260
               |||| || ||| | || ||||| || ||||| |||||| ||||||| ||| | ||  |
Db       1839 ACTCCAGAGAATATCAACTGCCGAGACACCCAGGGCAGAAATTCAACCCCTCTCCACCTG 1898

Qy       2261 GCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTG 2320
              ||||| || || |||||  | ||||| || |||||  |  || | ||||| ||||||||
Db       1899 GCAGCAGGCTACAATAACCTGGAAGTAGCTGAGTACCTTCTAGAGCACGGGGCTGATGTC 1958

Qy       2321 AATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTA 2380
              |||||||| ||||||||||| || || ||  | || || || || ||||| ||||||||
Db       1959 AATGCCCAGGACAAAGGAGGGCTAATCCCACTTCACAACGCTGCGTCTTATGGGCATGTT 2018

Qy       2381 GATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCT 2440
              ||  |||||||  |||| ||||| || ||  | ||||| || || ||||| || |||||
Db       2019 GACATAGCAGCGTTACTGATAAAATACAACACGTGTGTAAACGCAACGGATAAGTGGGCC 2078

Qy       2441 TTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTA 2500
              || || ||  | |||||||| ||||| || ||| | || ||| | |||||  || | |||
Db       2079 TTTACTCCCCTTCACGAAGCTGCCCAGAAAGGAAGGACGCAGTTATGTGCCCTGCTCCTA 2138

Qy       2501 GCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTT 2560
              || ||||| || ||||| ||  | || || |||||||| || |||||||||||| | |
Db       2139 GCACATGGCGCAGACCCAACCATGAAGAACCAGGAAGGTCAGACACCTTTAGATCTGGCG 2198

Qy       2561 TCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCT 2620
               | || |||||  || | ||||| |||| ||  |||||||||||    ||  | ||  |
Db       2199 ACGGCTGATGACATCCGGGCTCTGCTGATAGATGCCATGCCCCCTGAGGCCTTACCTACC 2258

Qy       2621 TGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTC 2680
              ||||  || ||||| |                     ||   |    |   |   || |
Db       2259 TGTTTTAAACCTCAGG---------------------CAACTGTAGTTAGTGCCTCTGTG 2297

Qy       2681 TCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCT 2740
                 |||    | || | ||| ||  |||| ||||| ||||||||  | || ||| |  ||
Db       2298 ATCTCACCAGCGTCCACCCCCTCCTGCCTCTCTGCTGCCAGCAGCATAGATAACCTCACT 2357

Qy       2741 GGAGTTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGT 2800
              ||    ||  | || ||| ||  || ||     || | || |   || || ||| |  ||
Db       2358 GGCCCGTTAACGGATCTGGCTGTAGGAGGGGCCTCCAATGCAGGGGATGGCGCTGCGGGT 2417

Qy       2801 TTGGAGAAAAAGGAG------GTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGG 2854
                 || |  |||||       ||| | ||  | ||  | | ||| |  || ||| | | |
Db       2418 GCAGAAAGGAAGGAAGGAGAAGTTGCGGGTCTTGACATGAACATCATCCAGTTCCTTAAG 2477

Qy       2855 AATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTA 2914
              |  ||||| ||||||||||| | ||| || ||||| | ||| ||||| ||  | |||||
Db       2478 AGCCTTGGCCTTGAGCACCTGAGGGACATTTTTGAAACAGAGCAGATTACGCTAGATGTG 2537

Qy       2915 TTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGG 2974
              || | ||| ||||| ||  | ||  |||| || || || |||||||| ||||||||  |
Db       2538 TTGGCTGATATGGGTCATGAAGAATTGAAAGAAATAGGCATCAATGCATATGGACACCGC 2597

Qy       2975 CACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATAT 3034
              |||||  | || || |  || || |||||| |    |||||||||||    || ||||||
Db       2598 CACAAGTTGATCAAGGGTGTTGAAAGACTTTTAGGTGGACAACAAGGAACCAATCCATAT 2657

Qy       3035 TTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAA 3094
              || |||||  ||        |   ||||| ||| |  |||||||  |||| || ||||||
Db       2658 TTGACTTTTCACTGTGTGAATCAGGGAACTATTTTGCTAGATCTTGCTCCAGAAGATAAA 2717

Qy       3095 GAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGT 3154
              || | ||| || || || ||||||||||| || ||  |||||||||||||||| || ||
Db       2718 GAATATCAATCAGTAGAAGAAGAGATGCAGAGCACTATTCGAGAGCACAGAGACGGTGGG 2777

Qy       3155 CATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAG 3214
               | || || || |||||||||||||||||  |  |    |||||||| |||   || |||
Db       2778 AACGCTGGCGGCATCTTCAACAGATACAACGTCATTCGAATTCAGAAAGTTGTGAATAAG 2837

Qy       3215 AAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCAT 3274
              || ||  ||||  ||| |   ||| |   ||| || || ||||| || ||||||||||||
Db       2838 AAGCTGAGGGAGCGATTCTGCCACAGACAAAAGGAGGTGTCTGAGGAGAACCACAACCAT 2897

Qy       3275 GCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGC 3334
                |||||| || ||||| || || || ||||||||  | ||||||||||| || |||||
Db       2898 CACAATGAGCGCATGCTGTTCCACGGTTCTCCTTTCATTAATGCAATTATTCATAAAGGG 2957

Qy       3335 TTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAA 3394
              ||||||||  | ||||||||||| || || |||||||||||||| ||||| |||||||||
Db       2958 TTTGATGAGCGACATGCGTACATTGGAGGGATGTTTGGAGCTGGAATTTACTTTGCTGAA 3017

Qy       3395 AACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTT 3454
              ||||| || ||||||||||| ||||| |||||||||||||||||| || || |||||
Db       3018 AACTCCTCAAAAAGCAATCAGTATGTTTATGGAATTGGAGGAGGAACAGGCTGTCCCACA 3077

Qy       3455 CACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTG 3514
              |||||||||||||| ||||| || || ||||| ||  |||| || ||  | || ||| |
Db       3078 CACAAAGACAGATCATGTTATATATGTCACAGACAAATGCTTTTCTGTAGAGTGACCCTT 3137

Qy       3515 GGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCAC 3574
              |||||||| |||||||| |||||  | ||||||||||| ||| | || ||||| ||||||
Db       3138 GGAAAGTCCTTCCTGCAATTCAGCACCATGAAAATGGCCCATGCACCCCCAGGCCATCAC 3197

Qy       3575 TCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGA 3634
              |||||||  ||||| || ||||| ||||| || ||||  ||||||||||| || ||||||
Db       3198 TCAGTCATCGGTAGACCAAGTGTCAATGGGCTGGCATATGCTGAATATGTCATCTACAGA 3257

Qy       3635 GGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAG 3689
              || |||||||| ||||| || ||| | || || |||||||| |||| ||| ||||
Db       3258 GGGGAACAGGCATATCCAGAATATCTCATCACCTACCAGATCATGAAGCCAGAAG 3312
```

```
RESULT 2
AK149368
LOCUS       AK149368                2226 bp    mRNA    linear   HTC 21-SEP-2005
DEFINITION  Mus musculus adult male liver tumor cDNA, RIKEN full-length
            enriched library, clone:C730001F05 product:Tankyrase 2 (EC
            2.4.2.30) (TANK2) (Tankyrase II) (TNKS-2) (TRF1- interacting
            ankyrin-related ADP-ribose polymerase 2) (Tankyrase-like protein)
            (Tankyrase-related protein) homolog [Homo sapiens], full insert
            sequence.
ACCESSION   AK149368
VERSION     AK149368.1  GI:74143548
KEYWORDS    HTC; CAP trapper.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia;
            Sciurognathi; Muroidea; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Carninci,P. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     High-efficiency full-length cDNA cloning
  JOURNAL   Meth. Enzymol. 303, 19-44 (1999)
   PUBMED   10349636
REFERENCE   2
  AUTHORS   Carninci,P., Shibata,Y., Hayatsu,N., Sugahara,Y., Shibata,K.,
            Itoh,M., Konno,H., Okazaki,Y., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Normalization and subtraction of cap-trapper-selected cDNAs to
            prepare full-length cDNA libraries for rapid discovery of new genes
  JOURNAL   Genome Res. 10 (10), 1617-1630 (2000)
   PUBMED   11042159
REFERENCE   3
  AUTHORS   Shibata,K., Itoh,M., Aizawa,K., Nagaoka,S., Sasaki,N., Carninci,P.,
            Konno,H., Akiyama,J., Nishi,K., Kitsunai,T., Tashiro,H., Itoh,M.,
            Sumi,N., Ishii,Y., Nakamura,S., Hazama,M., Nishine,T., Harada,A.,
            Yamamoto,R., Matsumoto,H., Sakaguchi,S., Ikegami,T., Kashiwagi,K.,
            Fujiwake,S., Inoue,K., Togawa,Y., Izawa,M., Ohara,E., Watahiki,M.,
            Yoneda,Y., Ishikawa,T., Ozawa,K., Tanaka,T., Matsuura,S., Kawai,J.,
            Okazaki,Y., Muramatsu,M., Inoue,Y., Kira,A. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     RIKEN integrated sequence analysis (RISA) system--384-format
            sequencing pipeline with 384 multicapillary sequencer
  JOURNAL   Genome Res. 10 (11), 1757-1771 (2000)
   PUBMED   11076861
REFERENCE   4
  AUTHORS   Kawai,J., Shinagawa,A., Shibata,K., Yoshino,M., Itoh,M., Ishii,Y.,
            Arakawa,T., Hara,A., Fukunishi,Y., Konno,H., Adachi,J., Fukuda,S.,
            Aizawa,K., Izawa,M., Nishi,K., Kiyosawa,H., Kondo,S., Yamanaka,I.,
            Saito,T., Okazaki,Y., Gojobori,T., Bono,H., Kasukawa,T., Saito,R.,
            Kadota,K., Matsuda,H., Ashburner,M., Batalov,S., Casavant,T.,
            Fleischmann,W., Gaasterland,T., Gissi,C., King,B., Kochiwa,H.,
            Kuehl,P., Lewis,S., Matsuo,Y., Nikaido,I., Pesole,G.,
            Quackenbush,J., Schriml,L.M., Staubli,F., Suzuki,R., Tomita,M.,
            Wagner,L., Washio,T., Sakai,K., Okido,T., Furuno,M., Aono,H.,
            Baldarelli,R., Barsh,G., Blake,J., Boffelli,D., Bojunga,N.,
            Carninci,P., de Bonaldo,M.F., Brownstein,M.J., Bult,C.,
            Fletcher,C., Fujita,M., Gariboldi,M., Gustincich,S., Hill,D.,
            Hofmann,M., Hume,D.A., Kamiya,M., Lee,N.H., Lyons,P.,
            Marchionni,L., Mashima,J., Mazzarelli,J., Mombaerts,P., Nordone,P.,
            Ring,B., Ringwald,M., Rodriguez,I., Sakamoto,N., Sasaki,H.,
            Sato,K., Schonbach,C., Seya,T., Shibata,Y., Storch,K.F., Suzuki,H.,
            Toyo-oka,K., Wang,K.H., Weitz,C., Whittaker,C., Wilming,L.,
            Wynshaw-Boris,A., Yoshida,K., Hasegawa,Y., Kawaji,H., Kohtsuki,S.
            and Hayashizaki,Y.
  CONSRTM   RIKEN Genome Exploration Research Group Phase II Team and the
            FANTOM Consortium
  TITLE     Functional annotation of a full-length mouse cDNA collection
  JOURNAL   Nature 409 (6821), 685-690 (2001)
   PUBMED   11217851
REFERENCE   5
  AUTHORS   Okazaki,Y., Furuno,M., Kasukawa,T., Adachi,J., Bono,H., Kondo,S.,
            Nikaido,I., Osato,N., Saito,R., Suzuki,H., Yamanaka,I.,
            Kiyosawa,H., Yagi,K., Tomaru,Y., Hasegawa,Y., Nogami,A.,
            Schonbach,C., Gojobori,T., Baldarelli,R., Hill,D.P., Bult,C.,
            Hume,D.A., Quackenbush,J., Schriml,L.M., Kanapin,A., Matsuda,H.,
            Batalov,S., Beisel,K.W., Blake,J.A., Bradt,D., Brusic,V.,
            Chothia,C., Corbani,L.E., Cousins,S., Dalla,E., Dragani,T.A.,
            Fletcher,C.F., Forrest,A., Frazer,K.S., Gaasterland,T.,
            Gariboldi,M., Gissi,C., Godzik,A., Gough,J., Grimmond,S.,
            Gustincich,S., Hirokawa,N., Jackson,I.J., Jarvis,E.D., Kanai,A.,
            Kawaji,H., Kawasawa,Y., Kedzierski,R.M., King,B.L., Konagaya,A.,
```

```
            Kurochkin,I.V., Lee,Y., Lenhard,B., Lyons,P.A., Maglott,D.R.,
            Maltais,L., Marchionni,L., McKenzie,L., Miki,H., Nagashima,T.,
            Numata,K., Okido,T., Pavan,W.J., Pertea,G., Pesole,G.,
            Petrovsky,N., Pillai,R., Pontius,J.U., Qi,D., Ramachandran,S.,
            Ravasi,T., Reed,J.C., Reed,D.J., Reid,J., Ring,B.Z., Ringwald,M.,
            Sandelin,A., Schneider,C., Semple,C.A., Setou,M., Shimada,K.,
            Sultana,R., Takenaka,Y., Taylor,M.S., Teasdale,R.D., Tomita,M.,
            Verardo,R., Wagner,L., Wahlestedt,C., Wang,Y., Watanabe,Y.,
            Wells,C., Wilming,L.G., Wynshaw-Boris,A., Yanagisawa,M., Yang,I.,
            Yang,L., Yuan,Z., Zavolan,M., Zhu,Y., Zimmer,A., Carninci,P.,
            Hayatsu,N., Hirozane-Kishikawa,T., Konno,H., Nakamura,M.,
            Sakazume,N., Sato,K., Shiraki,T., Waki,K., Kawai,J., Aizawa,K.,
            Arakawa,T., Fukuda,S., Hara,A., Hashizume,W., Imotani,K., Ishii,Y.,
            Itoh,M., Kagawa,I., Miyazaki,A., Sakai,K., Sasaki,D., Shibata,K.,
            Shinagawa,A., Yasunishi,A., Yoshino,M., Waterston,R., Lander,E.S.,
            Rogers,J., Birney,E. and Hayashizaki,Y.
  CONSRTM   FANTOM Consortium
  TITLE     Analysis of the mouse transcriptome based on functional annotation
            of 60,770 full-length cDNAs
  JOURNAL   Nature 420 (6915), 563-573 (2002)
   PUBMED   12466851
REFERENCE   6
  AUTHORS   Carninci,P., Kasukawa,T., Katayama,S., Gough,J., Frith,M.C.,
            Maeda,N., Oyama,R., Ravasi,T., Lenhard,B., Wells,C., Kodzius,R.,
            Shimokawa,K., Bajic,V.B., Brenner,S.E., Batalov,S., Forrest,A.R.,
            Zavolan,M., Davis,M.J., Wilming,L.G., Aidinis,V., Allen,J.E.,
            Ambesi-Impiombato,A., Apweiler,R., Aturaliya,R.N., Bailey,T.L.,
            Bansal,M., Baxter,L., Beisel,K.W., Bersano,T., Bono,H., Chalk,A.M.,
            Chiu,K.P., Choudhary,V., Christoffels,A., Clutterbuck,D.R.,
            Crowe,M.L., Dalla,E., Dalrymple,B.P., de Bono,B., Della Gatta,G.,
            di Bernardo,D., Down,T., Engstrom,P., Fagiolini,M., Faulkner,G.,
            Fletcher,C.F., Fukushima,T., Furuno,M., Futaki,S., Gariboldi,M.,
            Georgii-Hemming,P., Gingeras,T.R., Gojobori,T., Green,R.E.,
            Gustincich,S., Harbers,M., Hayashi,Y., Hensch,T.K., Hirokawa,N.,
            Hill,D., Huminiecki,L., Iacono,M., Ikeo,K., Iwama,A., Ishikawa,T.,
            Jakt,M., Kanapin,A., Katoh,M., Kawasawa,Y., Kelso,J., Kitamura,H.,
            Kitano,H., Kollias,G., Krishnan,S.P., Kruger,A., Kummerfeld,S.K.,
            Kurochkin,I.V., Lareau,L.F., Lazarevic,D., Lipovich,L., Liu,J.,
            Liuni,S., McWilliam,S., Madan Babu,M., Madera,M., Marchionni,L.,
            Matsuda,H., Matsuzawa,S., Miki,H., Mignone,F., Miyake,S.,
            Morris,K., Mottagui-Tabar,S., Mulder,N., Nakano,N., Nakauchi,H.,
            Ng,P., Nilsson,R., Nishiguchi,S., Nishikawa,S., Nori,F., Ohara,O.,
            Okazaki,Y., Orlando,V., Pang,K.C., Pavan,W.J., Pavesi,G.,
            Pesole,G., Petrovsky,N., Piazza,S., Reed,J., Reid,J.F., Ring,B.Z.,
            Ringwald,M., Rost,B., Ruan,Y., Salzberg,S.L., Sandelin,A.,
            Schneider,C., Schonbach,C., Sekiguchi,K., Semple,C.A., Seno,S.,
            Sessa,L., Sheng,Y., Shibata,Y., Shimada,H., Shimada,K., Silva,D.,
            Sinclair,B., Sperling,S., Stupka,E., Sugiura,K., Sultana,R.,
            Takenaka,Y., Taki,K., Tammoja,K., Tan,S.L., Tang,S., Taylor,M.S.,
            Tegner,J., Teichmann,S.A., Ueda,H.R., van Nimwegen,E., Verardo,R.,
            Wei,C.L., Yagi,K., Yamanishi,H., Zabarovsky,E., Zhu,S., Zimmer,A.,
            Hide,W., Bult,C., Grimmond,S.M., Teasdale,R.D., Liu,E.T.,
            Brusic,V., Quackenbush,J., Wahlestedt,C., Mattick,J.S., Hume,D.A.,
            Kai,C., Sasaki,D., Tomaru,Y., Fukuda,S., Kanamori-Katayama,M.,
            Suzuki,M., Aoki,J., Arakawa,T., Iida,J., Imamura,K., Itoh,M.,
            Kato,T., Kawaji,H., Kawagashira,N., Kawashima,T., Kojima,M.,
            Kondo,S., Konno,H., Nakano,K., Ninomiya,N., Nishio,T., Okada,M.,
            Plessy,C., Shibata,K., Shiraki,T., Suzuki,S., Tagami,M., Waki,K.,
            Watahiki,A., Okamura-Oho,Y., Suzuki,H., Kawai,J. and Hayashizaki,Y.
  CONSRTM   FANTOM Consortium
  TITLE     The transcriptional landscape of the mammalian genome
  JOURNAL   Science 309 (5740), 1559-1563 (2005)
   PUBMED   16141072
REFERENCE   7
  AUTHORS   Katayama,S., Tomaru,Y., Kasukawa,T., Waki,K., Nakanishi,M.,
            Nakamura,M., Nishida,H., Yap,C.C., Suzuki,M., Kawai,J., Suzuki,H.,
            Carninci,P., Hayashizaki,Y., Wells,C., Frith,M., Ravasi,T.,
            Pang,K.C., Hallinan,J., Mattick,J., Hume,D.A., Lipovich,L.,
            Batalov,S., Engstrom,P.G., Mizuno,Y., Faghihi,M.A., Sandelin,A.,
            Chalk,A.M., Mottagui-Tabar,S., Liang,Z., Lenhard,B. and
            Wahlestedt,C.
  CONSRTM   RIKEN Genome Exploration Research Group
  TITLE     Antisense transcription in the mammalian transcriptome
  JOURNAL   Science 309 (5740), 1564-1566 (2005)
   PUBMED   16141073
REFERENCE   8  (bases 1 to 2226)
  AUTHORS   Arakawa,T., Carninci,P., Fukuda,S., Hashizume,W., Hayashida,K.,
            Hori,F., Iida,J., Imamura,K., Imotani,K., Itoh,M., Kanagawa,S.,
            Kawai,J., Kojima,M., Konno,H., Murata,M., Nakamura,M., Ninomiya,N.,
            Nishiyori,H., Nomura,K., Ohno,M., Sakazume,N., Sano,H., Sasaki,D.,
            Shibata,K., Shiraki,T., Tagami,M., Tagami,Y., Waki,K., Watahiki,A.,
            Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (30-MAR-2004) Yoshihide Hayashizaki, The Institute of
            Physical and Chemical Research (RIKEN), Laboratory for Genome
            Exploration Research Group, RIKEN Genomic Sciences Center (GSC),
            RIKEN Yokohama Institute; 1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama,
            Kanagawa, 230-0045, Japan (E-mail:genome-res@gsc.riken.jp,
            URL:http://genome.gsc.riken.jp/, Tel:81-45-503-9222,
            Fax:81-45-503-9216)
COMMENT     cDNA library was prepared and sequenced in Mouse Genome
            Encyclopedia Project of Genome Exploration Research Group in Riken
            Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in RIKEN.
            Division of Experimental Animal Research in Riken contributed to
            prepare mouse tissues.
            Please visit our web site for further details.
            URL:http://genome.gsc.riken.jp/
            URL:http://fantom.gsc.riken.jp/.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..2226
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="FANTOM_DB:C730001F05"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="C730001F05"
                     /sex="male"
                     /cell_type="tumor"
                     /tissue_type="liver"
                     /clone_lib="RIKEN full-length enriched mouse cDNA library"
                     /dev_stage="adult"
     CDS             <1..1772
                     /note="unnamed protein product; Tankyrase 2 (EC 2.4.2.30)
                     (TANK2) (Tankyrase II) (TNKS-2) (TRF1- interacting
                     ankyrin-related ADP-ribose polymerase 2) (Tankyrase-like
                     protein) (Tankyrase-related protein) homolog [Homo
                     sapiens] (UniProt|Q9H2K2, evidence: FASTY, 96.8%ID,
                     50.5%length, match=1767)
                     putative
                     start codon is not identified"
                     /codon_start=3
                     /protein_id="BAE28838.1"
                     /db_xref="GI:74143549"
                     /translation="LVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKK

  Query Match             39.0%;  Score 1481.8;  DB 6;  Length 2226;
  Best Local Similarity   89.7%;  Pred. No. 0;
  Matches 1591;  Conservative    0;  Mismatches  182;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1935 TTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTAC 1994
              ||||||| || |||||||||||||| ||||| ||||| || ||||| || ||||||||||
Db          1 TTCTTGTCAAGCATGGAGCAGTAGTCAATGTCGCTGACTTGTGGAAGTTCACACCTTTAC 60

Qy       1995 ATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAG 2054
              ||||||| ||||||||||||||||||||||| ||||||||||| ||||||||||||||||
Db         61 ATGAAGCTGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATATGCAAACTTCTACTCCAGCATGGTGCAG 120

Qy       2055 ACCCTACCAAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATA 2114
              ||||||| || |||||||| ||||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Db        121 ACCCTACAAAGAAAAACAGAGATGGTAATACTCCTCTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATA 180

Qy       2115 CAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTT 2174
              |||||||||||||||| ||||| || |||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db        181 CAGATATTCAAGATCTACTTAGAGGTGATGCAGCTTTGCTGGATGCTGCCAAGAAGGGTT 240

Qy       2175 GTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAG 2234
              ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Db        241 GTTTAGCCAGAGTGAAGAAATTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGTGATACCCAAG 300

Qy       2235 GCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGT 2294
              |  | ||||| |||||||||||||| ||||||||||||||||| || ||||||| ||||
Db        301 GTCGGCATTCTACACCTTTACATTTGGCAGCTGGTTATAATAACTTGGAAGTTGCTGAGT 360

Qy       2295 ATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTAC 2354
              |||| || ||||| |||||||||||||||||||| |||||||||||||| ||||||||||
Db        361 ATTTATTGCAACATGGAGCTGATGTGAATGCCCAGGACAAAGGAGGACTCATTCCTTTAC 420

Qy       2355 ATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCAT 2414
              |||| |||||||| || || |||||||||||||||||| | || |||||||| ||||| |
Db        421 ATAACGCAGCATCGTATGGACATGTAGATGTAGCAGCTTTGCTGATAAAGTACAATGCGT 480

Qy       2415 GTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGAC 2474
              |||||||||||||||||||||||||||||||||| || || |||||||||||||||||||
Db        481 GTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCGTTACATGAAGCAGCCCAAAAGGGAC 540

Qy       2475 GAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGG 2534
              | ||||||||||||||||| ||| | |||||||||||||| || |||||||||||||| |
Db        541 GGACACAGCTTTGTGCTTTATTGTTGGCCCATGGAGCTGATCCTACTCTTAAAAATCAAG 600

Qy       2535 AAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAG 2594
              ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||| || ||  |||||||||
Db        601 AAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCAGATGATGTCAGTGCACTCTTGACAGCAG 660

Qy       2595 CCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAA 2654
              |||||||||| |||||||||||  | || |||||  |||||||||||| ||| |||||
Db        661 CCATGCCCCCCTCTGCTCTGCCTACGTGCTACAAAACTCAAGTGCTCAGTGGCGTGAGGG 720

Qy       2655 GCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTG 2714
              |||| |||||||||||||||||||| ||||||||||| || |||||||| ||||| ||||
Db        721 GCCCCGGAGCCACTGCAGATGCTCTGTCTTCAGGTCCGTCCAGCCCATCCAGCCTCTCTG 780

Qy       2715 CAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTT 2774
              |||||||||| || |||||||||||||| || || || ||||||||  |||| |||||||
Db        781 CAGCCAGCAGCCTCGACAACTTATCTGGCAGCTTCTCGGAACTGTCCGCAGTGGTTAGTT 840

Qy       2775 CAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTA 2834
              |||||| | |||| |||||| |  ||||| | | ||| |||| | ||||| | |||||||
Db        841 CAAGTGCAGCAGAAGGTGCTACTGGTTTGCAAAGAAAAGAGGATTCAGGAATCGATTTTA 900

Qy       2835 GCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAG 2894
              | |||||||| ||| ||||||| ||||||||||||||| | |||||||||||||||||||
Db        901 GTATAACTCAGTTCATAAGGAACCTTGGACTTGAGCACTTGATGGATATATTTGAGAGAG 960

Qy       2895 AACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAA 2954
              ||||||| || || |||||  ||||||| ||||| |||||||| ||||| ||||||||||
Db        961 AACAGATTACCTTAGATGTCCTAGTTGAAATGGGCCACAAGGAACTGAAAGAGATTGGAA 1020

Qy       2955 TCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGAC 3014
              ||||||| ||||||||| | ||||| || ||||||||||| || || || ||||| ||||
Db       1021 TCAATGCCTATGGACATCGACACAAGCTGATTAAAGGAGTTGAAAGGCTGATCTCTGGAC 1080

Qy       3015 AACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAG 3074
              ||||||||||||| |||||||||||| | |||| ||||||||||||||||||||| ||||
Db       1081 AACAAGGTCTTAATCCATATTTAACTCTAAACAACTCTGGTAGTGGAACAATTCTCATAG 1140

Qy       3075 ATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTC 3134
              |||||||||||||||||||||| |||||||||||||| ||||||||||| ||||| || |
Db       1141 ATCTGTCTCCTGATGATAAAGAATTTCAGTCTGTGGAAGAAGAGATGCAGAGTACTGTGC 1200

Qy       3135 GAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGA 3194
              | |||||||||||||| ||||| ||||| ||  |||||||||||||||| ||||||||||
Db       1201 GGGAGCACAGAGATGGTGGTCACGCAGGCGGCGTCTTCAACAGATACAACATTCTCAAGA 1260

Qy       3195 TTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTT 3254
              ||||||||||||||||||||||| | ||||||||||| || |||||||||||||||||||
Db       1261 TTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAATTGTGGGAAAGATATACACACCGGAGAAAAGAAGTTT 1320

Qy       3255 CTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGA 3314
              |||||||||||||||||||||| || ||| | ||| ||||||||||||||||||||||||
Db       1321 CTGAAGAAAACCACAACCATGCAAACGAAAGGATGTTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGA 1380

Qy       3315 ATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAG 3374
              |||| |||||||| || |||||||||||||||||||| ||||||||||| ||||||||||
Db       1381 ATGCGATTATCCATAAGGGCTTTGATGAAAGGCATGCATACATAGGTGGCATGTTTGGAG 1440

Qy       3375 CTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAG 3434
              |||| |||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db       1441 CTGGAATTTATTTTGCTGAGAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTGTATGGAATTGGAG 1500

Qy       3435 GAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGC 3494
              | || || || |||||| |||||||||||||||| ||||||||||| |||||||||||||
Db       1501 GTGGCACCGGATGTCCAATTCACAAAGACAGATCGTGTTACATTTGTCACAGGCAGCTGC 1560

Qy       3495 TCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCAC 3554
              | ||||| || ||||||||||||||||||||| |||||||||| ||||||||||||||||
Db       1561 TGTTTTGTCGAGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCTTGCAGTTCAGCGCAATGAAAATGGCAC 1620

Qy       3555 ATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAG 3614
              |||||||||| || |||||||| ||||||||  |||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 ATTCTCCTCCCGGCCATCACTCGGTCACTGGCCGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAG 1680

Qy       3615 CTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGA 3674
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||||||
Db       1681 CTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAATATCTAATTACTTACCAGA 1740

Qy       3675 TTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAA 3707
              || | ||||||||||||||||| ||||| | ||
Db       1741 TTGTAAGGCCTGAAGGTATGGTTGATGGCTGAA 1773


RESULT 3
AK047094
LOCUS       AK047094                1967 bp    mRNA    linear   HTC 02-SEP-2005
DEFINITION  Mus musculus 10 days neonate cerebellum cDNA, RIKEN full-length
            enriched library, clone:B930018O21 product:TANKYRASE-RELATED
            PROTEIN (FRAGMENT) homolog [Homo sapiens], full insert sequence.
ACCESSION   AK047094
VERSION     AK047094.1  GI:26338577
KEYWORDS    HTC; CAP trapper.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia;
            Sciurognathi; Muroidea; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Carninci,P. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     High-efficiency full-length cDNA cloning
  JOURNAL   Meth. Enzymol. 303, 19-44 (1999)
   PUBMED   10349636
REFERENCE   2
  AUTHORS   Carninci,P., Shibata,Y., Hayatsu,N., Sugahara,Y., Shibata,K.,
            Itoh,M., Konno,H., Okazaki,Y., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Normalization and subtraction of cap-trapper-selected cDNAs to
            prepare full-length cDNA libraries for rapid discovery of new genes
  JOURNAL   Genome Res. 10 (10), 1617-1630 (2000)
   PUBMED   11042159
REFERENCE   3
  AUTHORS   Shibata,K., Itoh,M., Aizawa,K., Nagaoka,S., Sasaki,N., Carninci,P.,
            Konno,H., Akiyama,J., Nishi,K., Kitsunai,T., Tashiro,H., Itoh,M.,
            Sumi,N., Ishii,Y., Nakamura,S., Hazama,M., Nishine,T., Harada,A.,
            Yamamoto,R., Matsumoto,H., Sakaguchi,S., Ikegami,T., Kashiwagi,K.,
            Fujiwake,S., Inoue,K., Togawa,Y., Izawa,M., Ohara,E., Watahiki,M.,
            Yoneda,Y., Ishikawa,T., Ozawa,K., Tanaka,T., Matsuura,S., Kawai,J.,
            Okazaki,Y., Muramatsu,M., Inoue,Y., Kira,A. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     RIKEN integrated sequence analysis (RISA) system--384-format
            sequencing pipeline with 384 multicapillary sequencer
  JOURNAL   Genome Res. 10 (11), 1757-1771 (2000)
   PUBMED   11076861
REFERENCE   4
  AUTHORS   The RIKEN Genome Exploration Research Group Phase II Team and the
            FANTOM Consortium.
  TITLE     Functional annotation of a full-length mouse cDNA collection
  JOURNAL   Nature 409, 685-690 (2001)
REFERENCE   5
  AUTHORS   The FANTOM Consortium, the RIKEN Genome Exploration Research Group
            Phase I and II Team.
  TITLE     Analysis of the mouse transcriptome based on functional annotation
            of 60,770 full-length cDNAs
  JOURNAL   Nature 420, 563-573 (2002)
REFERENCE   6
  AUTHORS   RIKEN Genome Exploration Research Group, Genome Science Group
            (Genome Network Core Team) and the FANTOM Consortium.
  TITLE     Antisense Transcription in the Mammalian Transcriptome
  JOURNAL   Science 309, 1564-1566 (2005)
REFERENCE   7
  AUTHORS   The FANTOM Consortium, Riken Genome Exploration Research Group and
            Genome Science Group (Genome Network Project Core Group).
  TITLE     The Transcriptional Landscape of the Mammalian Genome
  JOURNAL   Science 309, 1559-1563 (2005)
REFERENCE   8  (bases 1 to 1967)
  AUTHORS   Adachi,J., Aizawa,K., Akimura,T., Arakawa,T., Bono,H., Carninci,P.,
            Fukuda,S., Furuno,M., Hanagaki,T., Hara,A., Hashizume,W.,
            Hayashida,K., Hayatsu,N., Hiramoto,K., Hiraoka,T., Hirozane,T.,
            Hori,F., Imotani,K., Ishii,Y., Itoh,M., Kagawa,I., Kasukawa,T.,
            Katoh,H., Kawai,J., Kojima,Y., Kondo,S., Konno,H., Kouda,M.,
            Koya,S., Kurihara,C., Matsuyama,T., Miyazaki,A., Murata,M.,
            Nakamura,M., Nishi,K., Nomura,K., Numazaki,R., Ohno,M., Ohsato,N.,
            Okazaki,Y., Saito,R., Saitoh,H., Sakai,C., Sakai,K., Sakazume,N.,
            Sano,H., Sasaki,D., Shibata,K., Shinagawa,A., Shiraki,T.,
            Sogabe,Y., Tagami,M., Tagawa,A., Takahashi,F., Takaku-Akahira,S.,
            Takeda,Y., Tanaka,T., Tomaru,A., Toya,T., Yasunishi,A.,
            Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (16-JUL-2001) Yoshihide Hayashizaki, The Institute of
            Physical and Chemical Research (RIKEN), Laboratory for Genome
            Exploration Research Group, RIKEN Genomic Sciences Center (GSC),
            RIKEN Yokohama Institute; 1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama,
            Kanagawa, 230-0045, Japan (E-mail:genome-res@gsc.riken.jp,
            URL:http://genome.gsc.riken.jp/, Tel:81-45-503-9222,
            Fax:81-45-503-9216)
COMMENT     cDNA library was prepared and sequenced in Mouse Genome
            Encyclopedia Project of Genome Exploration Research Group in Riken
            Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in RIKEN.
            Division of Experimental Animal Research in Riken contributed to
            prepare mouse tissues.
            Please visit our web site for further details.
            URL:http://genome.gsc.riken.jp/
            URL:http://fantom.gsc.riken.jp/.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .1967
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="FANTOM_DB:B930018O21"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="B930018O21"
                     /tissue_type="cerebellum"
                     /clone_lib="RIKEN full-length enriched mouse cDNA library"
                     /dev_stage="10 days neonate"
     CDS             166. .>1967
                     /note="unnamed protein product; TANKYRASE-RELATED PROTEIN
                     (FRAGMENT) homolog [Homo sapiens] (SPTR|Q9HAS4, evidence:
                     FASTY, 94.6%ID, 51.4%length, match=1959)
                     putative"
                     /codon_start=1
                     /protein_id="BAC32960.2"
                     /db_xref="GI:74217481"
                     /translation="MSGRRCAGGGAACASAGAEAVEPSARELFEACRNGDVERVKRLV
                     TPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFG
                     HAEVVNLLLQHGAHPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTA
                     LDLADPSAKAVLTGDYKEDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLA
                     AEYNRVKIVQLLLHHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLW
                     QFTPLHEAASKNRIEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTAQLKERLSYEFKGHS
                     LLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGAN
                     TNEKTKEFLTPLHVASENAHNDVVEVVVKHEAKVNALDSLGQTSLHRAAHCGHLQTCR
```

```
                  LLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGASLGHSEADRQLLEAAKAGDVETV
                  KKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNA
                  CSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAA"
ORIGIN

  Query Match             36.1%;  Score 1369.8;  DB 6;  Length 1967;
  Best Local Similarity   90.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 1458;  Conservative    0;  Mismatches  147;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy         403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
               ||||||||| ||||| || |||||||||||| | |||||||| ||||||| ||| |||||
Db         363 AGGTTTTGGACGGAAGGATGTAGTTGAATATCTTCTTCAGAACGGTGCAAATGTGCAAGC 422

Qy         463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
                |||||||||||||| ||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Db         423 GCGTGATGATGGGGGTCTTATTCCTCTTCATAACGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 482

Qy         523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
               ||||||||| ||||| | ||| |||||| |||| |||||||| |||||||||||||||||
Db         483 AGTCAATCTTCTTTTACAACACGGTGCACACCCAAATGCTCGGGATAATTGGAATTATAC 542

Qy         583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
               |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||| ||||||||
Db         543 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAAATTGATGTTTGCATTGTGCTTTTACAGCA 602

Qy         643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Db         603 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGACCC 662

Qy         703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
               |||||||||||| || || |||||||| |||||| ||||||||||  | |||||||||||
Db         663 ATCTGCCAAAGCTGTTCTGACTGGTGACTATAAGGAAGATGAACTTCTGGAAAGTGCCAG 722

Qy         763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
               |||||||||||| |||||||||||||| || || |||||||| |||||||||||||| ||
Db         723 GAGTGGCAATGAGGAAAAAATGATGGCCCTGCTTACACCATTGAATGTCAACTGCCATGC 782

Qy         823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
               ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||| ||| ||||||||||| ||
Db         783 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTGCATTTGGCAGCAGAATACAACAGAGTAAAAAT 842

Qy         883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
               |||||| ||||||||||| ||||| |||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Db         843 TGTACAACTGTTACTGCACCATGGGGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGGGATCTGGT 902

Qy         943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
               |||| ||||||||||||| ||||| |||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Db         903 ACCACTACACAATGCCTGCTCTTACGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTCTGGTCAAGCA 962

Qy        1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
                ||||||||||| |||||||||||| ||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Db         963 CGGTGCCTGTGTGAATGCAATGGACCTGTGGCAGTTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1022

Qy        1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
               |||||||||| |||||||||||||||| ||| ||||||| || ||||| ||||| |||||
Db        1023 TAAGAACAGGATTGAAGTATGTTCTCTCCTCCTAAGTTACGGGGCAGATCCAACCCTGCT 1082

Qy        1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
                || |||||||||||||||||||||||| |||| |||||  ||||| | || ||||||||
Db        1083 GAACTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACCTGGCCCCCACGGCACAGCTGAAGGAAAGATT 1142

Qy        1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
               | | ||||||||||||||||| || ||||||||||||||||||||||||||||||||  |
Db        1143 ATCGTATGAATTTAAAGGCCATTCATTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACAAG 1202

Qy        1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
               ||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||| |||||||| |||||||||||
Db        1203 AATCAAAAAACATCTTTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAACATCCTCAGACACATGAAAC 1262

Qy        1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
               |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||| |
Db        1263 AGCACTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAGATATGTGAACTGCT 1322
```

```
Qy        1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
               ||| ||||| |||||||||| ||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1323 GCTCAGAAAGGGAGCAAACACCAACGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1382

Qy        1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
               ||| |||||||| ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1383 GGCTTCTGAGAACGCTCACAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1442

Qy        1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
               ||||||| |||||| |||||| ||||| ||  |||||||||||||| | |||||||| ||
Db        1443 TAATGCTTTGGATAGTCTTGGACAGACGTCATTACACAGAGCTGCACACTGTGGTCACCT 1502

Qy        1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
                || ||||||||||| ||||||||||||||||||||||| ||||| ||||||||||||||
Db        1503 GCAGACCTGCCGCCTGCTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCAAACATCATATCCCTTCAGGG 1562

Qy        1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
                || || || || || ||||||||||||||||| ||||| || |||||||||||   |||
Db        1563 TTTCACCGCCTTGCAAATGGGAAATGAAAATGTGCAGCAGCTGCTCCAAGAGGGCGCCTC 1622

Qy        1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
               | ||||| | |||||||| ||||||||  |||||||||||||||||||||| || || ||
Db        1623 ACTAGGTCACTCAGAGGCGGACAGACAGCTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGTGACGTTGA 1682

Qy        1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
               ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||
Db        1683 AACTGTAAAAAAACTCTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGACGCCA 1742

Qy        1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
               ||| || ||||| || |||||||||||||| ||||||||||| ||||| |||||||||||
Db        1743 GTCAACCCCACTCCACTTTGCAGCTGGGTACAACAGAGTGTCTGTGGTAGAATATCTGCT 1802

Qy        1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
                || |||||||||||||| ||||||||||| |||||||| ||||||||||| ||||||||
Db        1803 GCAACATGGAGCTGATGTTCATGCTAAAGACAAAGGAGGTCTTGTACCTTTACACAATGC 1862

Qy        1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
               ||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||| ||
Db        1863 ATGTTCTTATGGACACTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTCAAGCATGGAGCAGTAGTCAA 1922

Qy        1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGC 2007
               ||| ||||| || ||||| || ||||||||||||||||| |||||
Db        1923 TGTCGCTGACTTGTGGAAGTTCACACCTTTACATGAAGCTGCAGC 1967

RESULT 4
AK080913
LOCUS       AK080913                3194 bp    mRNA    linear   HTC 02-SEP-2005
DEFINITION  Mus musculus 4 days neonate male adipose cDNA, RIKEN full-length
            enriched library, clone:B430206N15 product:TRF1-INTERACTING
            ANKYRIN-RELATED ADP-RIBOSE POLYMERASE homolog [Homo sapiens], full
            insert sequence.
ACCESSION   AK080913
VERSION     AK080913.1  GI:26099551
KEYWORDS    HTC; CAP trapper.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia;
            Sciurognathi; Muroidea; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Carninci,P. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     High-efficiency full-length cDNA cloning
  JOURNAL   Meth. Enzymol. 303, 19-44 (1999)
   PUBMED   10349636
REFERENCE   2
  AUTHORS   Carninci,P., Shibata,Y.; Hayatsu,N., Sugahara,Y., Shibata,K.,
            Itoh,M., Konno,H., Okazaki,Y., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Normalization and subtraction of cap-trapper-selected cDNAs to
            prepare full-length cDNA libraries for rapid discovery of new genes
  JOURNAL   Genome Res. 10 (10), 1617-1630 (2000)
   PUBMED   11042159
REFERENCE   3
```

```
 AUTHORS   Shibata,K., Itoh,M., Aizawa,K., Nagaoka,S., Sasaki,N., Carninci,P.,
           Konno,H., Akiyama,J., Nishi,K., Kitsunai,T., Tashiro,H., Itoh,M.,
           Sumi,N., Ishii,Y., Nakamura,S., Hazama,M., Nishine,T., Harada,A.,
           Yamamoto,R., Matsumoto,H., Sakaguchi,S., Ikegami,T., Kashiwagi,K.,
           Fujiwake,S., Inoue,K., Togawa,Y., Izawa,M., Ohara,E., Watahiki,M.,
           Yoneda,Y., Ishikawa,T., Ozawa,K., Tanaka,T., Matsuura,S., Kawai,J.,
           Okazaki,Y., Muramatsu,M., Inoue,Y., Kira,A. and Hayashizaki,Y.
 TITLE     RIKEN integrated sequence analysis (RISA) system--384-format
           sequencing pipeline with 384 multicapillary sequencer
 JOURNAL   Genome Res. 10 (11), 1757-1771 (2000)
  PUBMED   11076861
REFERENCE  4
 AUTHORS   The RIKEN Genome Exploration Research Group Phase II Team and the
           FANTOM Consortium.
 TITLE     Functional annotation of a full-length mouse cDNA collection
 JOURNAL   Nature 409, 685-690 (2001)
REFERENCE  5
 AUTHORS   The FANTOM Consortium, the RIKEN Genome Exploration Research Group
           Phase I and II Team.
 TITLE     Analysis of the mouse transcriptome based on functional annotation
           of 60,770 full-length cDNAs
 JOURNAL   Nature 420, 563-573 (2002)
REFERENCE  6
 AUTHORS   RIKEN Genome Exploration Research Group, Genome Science Group
           (Genome Network Core Team) and the FANTOM Consortium.
 TITLE     Antisense Transcription in the Mammalian Transcriptome
 JOURNAL   Science 309, 1564-1566 (2005)
REFERENCE  7
 AUTHORS   The FANTOM Consortium, Riken Genome Exploration Research Group and
           Genome Science Group (Genome Network Project Core Group).
 TITLE     The Transcriptional Landscape of the Mammalian Genome
 JOURNAL   Science 309, 1559-1563 (2005)
REFERENCE  8  (bases 1 to 3194)
 AUTHORS   Adachi,J., Aizawa,K., Akimura,T., Arakawa,T., Bono,H., Carninci,P.,
           Fukuda,S., Furuno,M., Hanagaki,T., Hara,A., Hashizume,W.,
           Hayashida,K., Hayatsu,N., Hiramoto,K., Hiraoka,T., Hirozane,T.,
           Hori,F., Imotani,K., Ishii,Y., Itoh,M., Kagawa,I., Kasukawa,T.,
           Katoh,H., Kawai,J., Kojima,Y., Kondo,S., Konno,H., Kouda,M.,
           Koya,S., Kurihara,C., Matsuyama,T., Miyazaki,A., Murata,M.,
           Nakamura,M., Nishi,K., Nomura,K., Numazaki,R., Ohno,M., Ohsato,N.,
           Okazaki,Y., Saito,R., Saitoh,H., Sakai,C., Sakai,K., Sakazume,N.,
           Sano,H., Sasaki,D., Shibata,K., Shinagawa,A., Shiraki,T.,
           Sogabe,Y., Tagami,M., Tagawa,A., Takahashi,F., Takaku-Akahira,S.,
           Takeda,Y., Tanaka,T., Tomaru,A., Toya,T., Yasunishi,A.,
           Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
 TITLE     Direct Submission
 JOURNAL   Submitted (16-APR-2002) Yoshihide Hayashizaki, The Institute of
           Physical and Chemical Research (RIKEN), Laboratory for Genome
           Exploration Research Group, RIKEN Genomic Sciences Center (GSC),
           RIKEN Yokohama Institute; 1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama,
           Kanagawa, 230-0045, Japan (E-mail:genome-res@gsc.riken.jp,
           URL:http://genome.gsc.riken.jp/, Tel:81-45-503-9222,
           Fax:81-45-503-9216)
COMMENT    cDNA library was prepared and sequenced in Mouse Genome
           Encyclopedia Project of Genome Exploration Research Group in Riken
           Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in RIKEN.
           Division of Experimental Animal Research in Riken contributed to
           prepare mouse tissues.
           Please visit our web site for further details.
           URL:http://genome.gsc.riken.jp/
           URL:http://fantom.gsc.riken.jp/.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..3194
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="FANTOM_DB:B430206N15"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="B430206N15"
                     /sex="male"
                     /tissue_type="adipose"
                     /clone_lib="RIKEN full-length enriched mouse cDNA library"
                     /dev_stage="4 days neonate"
     misc_feature    1..3194
                     /note="TRF1-INTERACTING ANKYRIN-RELATED ADP-RIBOSE
                     POLYMERASE homolog [Homo sapiens] (SPTR|O95271, evidence:
                     FASTY, 95.9%ID, 80%length, match=3167)
                     putative"
ORIGIN

  Query Match             35.8%;  Score 1360.4;  DB 6;  Length 3194;
  Best Local Similarity   72.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1827;  Conservative    0;  Mismatches  681;  Indels   28;  Gaps    3;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||  |||| || || ||  || | ||||| ||||  ||||| | |||||| ||
Db        678 AGGTTTTGGAAGGAAGGATGTTGTACAACACTTGCTGCAGATGGGTGCTAATGTCCACGC 737

Qy        463 A-CGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 521
                |||||||| ||||| || || || || ||||||||||| |||||| || |||||||| |
Db        738 CCCGTGATGACGGGGGTCTCATCCCACTTCATAATGCCTGCTCTTTCGGCCATGCTGAGG 797

Qy        522 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 581
              | || | |||  |  || | || || ||||| || |||||  ||||||| ||||| ||||
Db        798 TTGTGAGTCTGTTACTGTGTCAAGGAGCAGATCCGAATGCCAGAGATAACTGGAACTATA 857

Qy        582 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 641
              | || || ||||||||||| |||||||| || |||||||| || |||||||||| | ||||
Db        858 CACCACTGCATGAAGCTGCCATTAAAGGGAAAATTGATGTCTGTATTGTGCTGCTGCAGC 917

Qy        642 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 701
              | ||||| || |||| |||||| || || ||||| |   ||||  ||||  | |||||||
Db        918 ACGGAGCCGATCCAAACATCCGGAACACCGATGGGAAATCAGCTCTGGACCTGGCAGATC 977

Qy        702 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 761
              | || || ||||| || || || |||||||| || ||||| |||||| ||||  ||| |
Db        978 CTTCAGCAAAAGCTGTCCTCACAGGTGAATACAAAAAAGACGAACTCCTAGAAGCTGCTA 1037

Qy        762 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 821
              ||||||| |||||||||||| | |||||| |||| || ||  |||||||  || ||||| |
Db       1038 GGAGTGGTAATGAAGAAAAACTAATGGCTTTACTGACTCCTCTAAATGTGAATTGCCATG 1097

Qy        822 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 881
              ||||||||||  ||||||| ||||| ||||  ||||||||||| || |||||||||   ||
Db       1098 CAAGTGATGGACGAAAGTCTACTCCGTTACACCTGGCAGCAGGCTACAACAGAGTTCGGA 1157

Qy        882 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 941
              | || ||||||| | || || ||||| ||||||||||| || ||||| |||||||  || |
Db       1158 TAGTTCAGCTGCTTCTACAGCATGGTGCTGATGTCCACGCGAAAGACAAAGGTGGACTTG 1217

Qy        942 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1001
              ||||  | || ||||| || || || || || ||||| || || |||||  || | ||||
Db       1218 TACCTCTTCATAATGCATGCTCATACGGACACTATGAGGTCACAGAACTGCTGCTAAAGC 1277

Qy       1002 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1061
              |||| || ||||| || || |||||  |||||||| ||||| || || ||| || || ||||
Db       1278 ATGGAGCTTGTGTCAACGCTATGGATCTGTGGCAGTTCACACCGCTGCATGAAGCTGCTT 1337

Qy       1062 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1121
              | |||||| |||| ||||| ||||||||  |  | ||| | ||||| || |||||  || 
Db       1338 CAAAGAACCGGGTAGAAGTCTGTTCTCTGTTACTTAGTCACGGTGCCGATCCAACCTTGG 1397

Qy       1122 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1181
              ||||||| ||    |||||||||| | ||| ||||||| || ||  || | |   |||||| 
Db       1398 TCAATTGCCATGGCAAAAGTGCTGTCGACATGGCTCCAACTCCTGAGCTCCGGGAAAGAC 1457

Qy       1182 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1241
              |  ||||||||||||||||||| || || || ||||| ||  ||||||| ||  |  |  
Db       1458 TGACATATGAATTTAAAGGCCATTCTTTACTCCAAGCCGCCAGAGAAGCAGACCTGGCCA 1517

Qy       1242 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1301
               | | ||||||   ||  ||  |||||||  | || ||||||||| || ||  | |||||||
Db       1518 AAGTTAAAAAAACGCTTGCTTTGGAAATCATTAACTTCAAGCAGCCACAGTCTCATGAAA 1577

Qy       1302 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1361
              | |||||||| |||||||  || ||     |||||||| |||||||  |    || ||||
Db          1578 CTGCATTGCACTGTGCTGTGGCCTCCTTGCATCCCAAACGAAAGCAGGTGGCAGAGCTGT 1637

Qy          1362 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1421
                 | || || || ||||| ||| |||| |||||||  || || ||| |||| |||||||| |
Db          1638 TACTGAGGAAGGGAGCCAACGTCAACGAAAAGAACAAGGATTTCATGACCCCTCTGCATG 1697

Qy          1422 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1481
                 | ||| |||| | |||||||||||||||  | |||||  ||   || || | |||||||
Db          1698 TTGCAGCTGAAAGAGCTCATAATGATGTCATGGAAGTTCTGCATAAGCACGGAGCAAAGA 1757

Qy          1482 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1541
                 | ||||| ||||||| ||||||||||||| || | ||||||||||| |     || || |
Db          1758 TGAATGCACTGGATAGTCTTGGTCAGACTGCTTTGCACAGAGCTGCCTTAGCGGGCCACC 1817

Qy          1542 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1601
                 | || ||||||||||| || ||||| ||||| | |||||||  ||| || ||||| || |
Db          1818 TGCAGACCTGCCGCCTCCTGCTGAGTTATGGCTCTGATCCTTCCATCATCTCCCTGCAAG 1877

Qy          1602 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1661
                 |||| || ||    |||||||| ||||||   || || ||  | ||    ||| |||
Db          1878 GCTTCACGGCAGCGCAGATGGGGAATGAAGCAGTGCAACAGATTCTGAGCGAGAGTACTC 1937

Qy          1662 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1721
                 |  |  | | ||| || |  |||   |   |  | || ||  | || ||||| ||  | |
Db          1938 CTATGCGCACTTCGGACGTGGACTATCGTCTCTTAGAGGCATCGAAAGCTGGTGACTTGG 1997

Qy          1722 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1781
                 ||||||| ||  |||| || |     |||| ||| |||||||||||| | || || || |
Db          1998 AAACTGTGAAGCAACTCTGCAGCCCGCAGAATGTGAACTGCAGAGACCTGGAGGGCCGGC 2057

Qy          1782 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1841
                 | ||||||||  | || || || || || |||||| | ||||| || || || || || |
Db          2058 ACTCTACACCCTTACACTTCGCTGCAGGCTATAACCGTGTGTCTGTCGTTGAGTACCTTC 2117

Qy          1842 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1901
                 |||| |||||||||||||| ||||| ||||| ||||| ||| | || ||  | |||||||
Db          2118 TACATCATGGAGCTGATGTCCATGCCAAAGACAAAGGTGGCTTGGTTCCCCTTCACAATG 2177

Qy          1902 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1961
                 | || || |||||||| ||||| || || || ||  | || |  || || ||   ||| |
Db          2178 CCTGCTCCTATGGACACTATGAGGTCGCCGAGCTCTTGGTGAGGCACGGGGCTTCAGTCA 2237

Qy          1962 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2021
                 |||| || ||  | |||||||| || ||| | |||||||| ||||| || |||||||| |
Db          2238 ATGTGGCCGACCTGTGGAAATTCACCCCTCTCCATGAAGCGGCAGCCAAGGGAAAATACG 2297

Qy          2022 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2081
                 |||| |||||||| || ||  | ||||| ||||| || || || || ||||| |||||||
Db          2298 AAATCTGCAAACTCCTTCTAAAACATGGAGCAGATCCAACTAAGAAGAACAGAGATGGAA 2357

Qy          2082 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2141
                 |||| ||  | ||||| || ||||| ||||| || |||||||| || ||||| ||||| |
Db          2358 ATACACCCCTAGATCTGGTCAAAGAAGGAGACACGGATATTCAGGACCTGCTGAGGGGCG 2417

Qy          2142 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2201
                 |||| ||  || | ||||||||||||||||| ||  ||||||||||| ||||| | | |
Db          2418 ATGCTGCCCTGTTGGATGCTGCCAAGAAGGGCTGCCTAGCCAGAGTGCAGAAGCTTTATA 2477

Qy          2202 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2261
                 |||| || ||| | || ||||| || ||||| |||||| ||||||| ||| | ||  | |
Db          2478 CTCCAGAGAATATCAACTGCCGAGACACCCAGGGCAGAAATTCAACCCCTCTCCACCTGG 2537

Qy          2262 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2321
                 |||| || || |||||  | ||||| || |||||  |  || | ||||| |||||||| |
Db          2538 CAGCAGGCTACAATAACCTGGAAGTAGCTGAGTACCTTCTAGAGCACGGGGCTGATGTCA 2597

Qy          2322 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2381
                 ||||||| ||||||||||| || || ||  | || || || || ||||| |||||||| |
Db          2598 ATGCCCAGGACAAAGGAGGGCTAATCCCACTTCACAACGCTGCGTCTTATGGGCATGTTG 2657

Qy          2382 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2441
                 |  |||||||  |||| ||||| || ||  | ||||| || || ||||| || ||||| |
Db          2658 ACATAGCAGCGTTACTGATAAAATACAACACGTGTGTAAACGCAACGGATAAGTGGGCCT 2717

Qy          2442 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2501
                 | || ||  | |||||||| ||||| || ||| | || ||| | |||||  || | ||||
Db          2718 TTACTCCCCTTCACGAAGCTGCCCAGAAAGGAAGGACGCAGTTATGTGCCCTGCTCCTAG 2777

Qy          2502 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2561
                 | ||||| || ||||| ||  | || || |||||||| |||||||||||| | |
Db          2778 CACATGGCGCAGACCCAACCATGAAGAACCAGGAAGGTCAGACACCTTTAGATCTGGCGA 2837

Qy          2562 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2621
                 | || |||||  || | ||||| |||| ||  |||||||||||    ||  | ||  | |
Db          2838 CGGCTGATGACATCCGGGCTCTGCTGATAGATGCCATGCCCCCTGAGGCCTTACCTACCT 2897

Qy          2622 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2681
                 |||  || ||||| |                     ||   |    |   |   ||||
Db          2898 GTTTTAAACCTCAGG---------------------CAACTGTAGTTAGTGCCTCTCTGA 2936

Qy          2682 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2741
                   |||    | || | ||| ||  |||| ||||| ||||||||  | || ||| |  |||
Db          2937 TCTCACCAGCGTCCACCCCCTCCTGCCTCTCTGCTGCCAGCAGCATAGATAACCTCACTG 2996

Qy          2742 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2801
                 |    ||  | || ||| ||  || ||     || | || |   || || ||| |  ||
Db          2997 GCCCGTTAACGGATCTGGCTGTAGGAGGGGCCTCCAATGCAGGGGATGGCGCTGCGGGTG 3056

Qy          2802 TGGAGAAAAAG------GAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGA 2855
                   || |  |||      || ||| | ||  | ||  | | ||| |  || ||| | | ||
Db          3057 CAGAAAGGAAGGAAGGAGAAGTTGCGGGTCTTGACATGAACATCAGCCAGTTCCTTAAGA 3116

Qy          2856 ATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTAT 2915
                   ||||| ||||||||||| | ||| || ||||| | ||| ||||| ||  | ||||| |
Db          3117 GCCTTGGCCTTGAGCACCTGAGGGACATTTTTGAAACAGAGCAGATTACGCTAGATGTGT 3176

Qy          2916 TAGTTGAGATGGGGCA 2931
                 | | ||| ||||| ||
Db          3177 TGGCTGATATGGGTCA 3192


RESULT 5
DQ034114
LOCUS       DQ034114                3612 bp    DNA     linear   GSS 02-JUN-2005
DEFINITION  Homo sapiens TNKS gene, VIRTUAL TRANSCRIPT, partial sequence,
            genomic survey sequence.
ACCESSION   DQ034114
VERSION     DQ034114.1  GI:66885323
KEYWORDS    GSS.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3612)
  AUTHORS   Nielsen,R., Bustamante,C., Clark,A.G., Glanowski,S., Sackton,T.B.,
            Hubisz,M.J., Fledel-Alon,A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.,
            White,T.J., Sninsky,J.J., Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     A Scan for Positively Selected Genes in the Genomes of Humans and
            Chimpanzees
  JOURNAL   (er) PLoS Biol. 3 (6), E170 (2005)
   PUBMED   15869325
REFERENCE   2  (bases 1 to 3612)
  AUTHORS   Nielsen,R., Bustamante,C., Clark,A.G., Glanowski,S., Sackton,T.B.,
            Hubisz,M.J., Fledel-Alon,A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.,
            White,T.J., Sninsky,J.J., Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (05-MAY-2005) Celera Genomics, 45 West Gude Drive,
            Rockville, MD 20850, USA
COMMENT     This sequence was made by sequencing genomic exons and ordering
            them based on alignment.  Translation starts at the beginning of
            alignment.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..3612
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /chromosome="8"
     gene            <1. .>3612
                     /gene="TNKS"
                     /locus_tag="HC3703"
ORIGIN

  Query Match             32.2%;  Score 1221.6;  DB 14;  Length 3612;
  Best Local Similarity   63.2%;  Pred. No. 0;
  Matches 1872;  Conservative    0;  Mismatches 1020;  Indels   69;  Gaps    6;

Qy        573 GGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGC 632

Db        644 GGAAGTCTTCTCCCCTGCACTTCGCTGCAGGTTTTGGAAGGAAGGATGTTGTAGAACACT 703

Qy        633 TGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATT 692

Db        704 TACTACAGATGGGTGCTAATGTCCACGCTCGTGATGATGGAGGTCTCATCCCGCTTCATA 763

Qy        693 TAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAG 752

Db        764 ATGCCTGTTCTTTTGGCCATGCTGAGGTTGTGAGTCTGTTATTGTGCCAAGGAGCTGATC 823

Qy        753 AAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCA 812

Db        824 CAAATGCCAGGGATAACTGGAACTATACACCTCTGCATGAA---GCTGCTATTAAAGGGA 880

Qy        813 ACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACA 872

Db        881 AGATCGATGTGTGCATTGGAATTGACTTACTACCTTTTTATAGGAGTGGTAATGAAGAAA 940

Qy        873 GAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAG 932

Db        941 AACTAATGGCTTTACTG--ACTCCTCTAAATGTGAATTGCCATGCAAGTGATGGGCGAAA 998

Qy        933 GTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTT 992

Db        999 GGGA-CTTGTGCCTCTTCATAATGCATGTTCATATGGACATTATGAAGTCACAGAACTGC 1057

Qy        993 TGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATG 1052

Db       1058 TACTAAAGCATGGAGCTTGTGTTAATGCCATGGATCTCTGGCAGTTTACTCCACTGCACG 1117

Qy       1053 AGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACC 1112

Db       1118 AGGCTGCTTCCAAGAACCGTGTAGAAGTCTGCTCTTTGTTACTTAGCCATGGCGCTGATC 1177

Qy       1113 CAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAA 1172

Db       1178 CTACGTTAGTCAACTGCCATGGCAAAAGTGCTGTGGATATGGCTCCAACTCCGGAGCTTA 1237

Qy       1173 AAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTG 1232

Db       1238 GGGAGAGATTGACTTATGAATTTAAAGGTCATTCTTTACTACAAGCAGCCAGAGAAGCAG 1297

Qy       1233 ATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAA 1292

Db       1298 ACTTAGCTAAAGTTAAAAAAACACTCGCTCTGGAAATCATTAATTTCAAACAACCGCAGT 1357

Qy       1293 CACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATAT 1352

Db       1358 CTCATGAAACAGCACTGCACTGTGCTGTGGCCTCTCTGCATCCCAAACGTAAACAAGTGA 1417

Qy       1353 GTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTC 1412

Db       1418 CAGAATTGTTACTTAGAAAAGGAGCAAATGTTAATGAAAAAAATAAAGATTTCATGACTC 1477

Qy       1413 CTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATG 1472

Db       1478 CCCTGCATGTTGCAGCCGAAAGAGCCCATAATGATGTCATGGAAGTTCTGCATAAGCATG 1537

Qy       1473 AAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATT 1532

Db       1538 GCGCCAAGATGAATGCACTGGACACCCTTGGTCAGACTGCTTTGCATAGAGCCGCCCTAG 1597

Qy       1533 GTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATAT 1592

Db       1598 CAGGCCACCTGCAGACCTGCCGCCTCCTGCTGAGTTACGGCTCTGACCCCTCCATCATCT 1657

Qy       1593 CCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAG 1652

Db       1658 CCTTACAAGGCTTCACAGCAGCACAGATGGGCAATGAAGCAGTGCAGCAGATTCTGAGTG 1717

Qy       1653 AGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTG 1712

Db       1718 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 1777

Qy       1713 GAGATGTC------------------------------------GAAACTGTAAAAAAAC 1736

Db       1778 NNNNNNNNNNNNNTAATGTTCGTTTTGTGTTTGTCTTTGTGTGTGCACCACGAAAGCAAC 1837

Qy       1737 TGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTC 1796

Db       1838 TTTGCAGCTCTCAAAATGTGAATTGTAGAGACTTAGAGGGCCGGCATTCCACGCCCTTAC 1897

Qy       1797 ATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTG 1856

Db       1898 ACTTCGCAGCAGGCTACAACCGCGTGTCTGTTGTAGAGTACCTGCTACACCACGGTGCCG 1957

Qy       1857 ATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGAC 1916

Db       1958 ATGTCCATGCCAAAGACAAGGGTGGCTTGGTGCCCCTTCATAATGCCTGTTCATATGGAC 2017

Qy       1917 ATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTAT 1976

Db       2018 ACTATGAGGTGGCTGAGCTTTTAGTAAGGCATGGGGCTTCTGTCAATGTGGCGGACTTAT 2077

Qy       1977 GGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTC 2036

Db       2078 GGAAATTTACCCCTCTCCATGAAGCAGCAGCTAAAGGAAAGTATGAAATCTGCAAGCTCC 2137

Qy       2037 TGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATC 2096

Db       2138 TTTTAAAACATGGAGCAGATCCAACTAAAAAGAACAGAGATGGAAATACACCTTTGGATT 2197

Qy       2097 TTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAG 2156

Db       2198 TGGTAAAGGAAGGAGACACAGATATTCAGGACTTACTGAGAGGGGATGCTGCTTTGTTGG 2257

Qy       2157 ATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAA 2216

Db       2258 ATGCTGCCAAGAAGGGCTGCCTGGCAAGAGTGCAGAAGCTCTGTACCCCAGAGAATATCA 2317

Qy       2217 ATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATA 2276

Db       2318 ACTGCAGAGACACCCAGGGCAGAAATTCAACCCCTCTGCACCTGGCAGCAGGCTATAATA 2377

Qy       2277 ATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAG 2336

Db       2378 ACCTGGAAGTAGCTGAATATCTTCTAGAGCATGGAGCTGATGTTAATGCCCAGGACAAGG 2437

Qy       2337 GAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTAC 2396

Db       2438 GTGGTTTAATTCCTCTTCATAATGCGGCATCTTATGGGCATGTTGACATAGCGGCTTTAT 2497

Qy       2397 TAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACG 2456

Db       2498 TGATAAAATACAACACGTGTGTAAATGCAACAGATAAGTGGGCGTTTACTCCCCTCCATG 2557

Qy       2457 AAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACC 2516

Db       2558 AAGCAGCCCAGAAAGGAAGGACGCAGCTGTGCGCCCTCCTCCTAGCGCATGGTGCAGACC 2617

Qy       2517 CGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCA 2576

Db       2618 CCACCATGAAGAACCAGGAAGGCCAGACGCCTCTGGATCTGGCAACAGCTGACGATATCA 2677
```

```
Qy   2577 GCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAG 2636
          | ||| | |||| ||  |||||||||||||   ||  | ||  | ||||  || ||||| |
Db   2678 GAGCTTTGCTGATAGATGCCATGCCCCCAGAGGCCTTACCTACCTGTTTTAAACCTCAGG 2737

Qy   2637 TGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTA 2696
                               |    |        |   ||||    |||    |||| |
Db   2738 ---------------------CTACTGTAGTGAGTGCCTCTCTGATCTCACCAGCATCCA 2776

Qy   2697 GCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAAC 2756
           ||| ||  |||| || || ||||||||  | |||||| |  ||||   |||  ||||
Db   2777 CCCCCTCCTGCCTCTCGGCTGCCAGCAGCATAGACAACCTCACTGGCCCTTTAGCAGAGT 2836

Qy   2757 TGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAG---- 2812
          || |   || ||     || | || |   || || ||  |  |    || |  |||
Db   2837 TGGCCGTAGGAGGAGCCTCCAATGCAGGGGATGGCGCCGCAGGAACAGAAAGGAAGGAAG 2896

Qy   2813 --GAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGC 2870
            || |
Db   2897 GAGAAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2956

Qy   2871 ACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGC 2930
                                       || ||  | ||||| || | ||| ||||| |
Db   2957 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNATTACACTAGATGTGTTGGCTGATATGGGTC 3016

Qy   2931 ACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAG 2990
          |  | ||| |||| || || || |||||||| ||||| ||  | |||||| |||| ||||
Db   3017 ATGAAGAGTTGAAAGAAATAGGCATCAATGCATATGGGCACCGCCACAAATTAATCAAAG 3076

Qy   2991 GAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCT 3050
          |||| || ||||||  |    |||||||||||    || || ||||| |||||  ||
Db   3077 GAGTAGAAAGACTCTTAGGTGGACAACAAGGCACCAATCCTTATTTGACTTTTCACTGTG 3136

Qy   3051 CTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGG 3110
           |  |   ||||| ||| |  | |||||  |||| || |||||||| | |||||| ||||
Db   3137 TTAATCAGGGAACGATTTTGCTGGATCTTGCTCCAGAAGATAAAGAATATCAGTCAGTGG 3196

Qy   3111 AGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCT 3170
          | ||||||||||||||||||  ||||||| |||||||||||| ||| |||| || || ||||
Db   3197 AAGAAGAGATGCAAAGTACTATTCGAGAACACAGAGATGGTGGTAATGCTGGCGGCATCT 3256

Qy   3171 TCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGAT 3230
          |||||||||||||| |  |    ||||| || |||   ||||||||  |  ||||  | |
Db   3257 TCAACAGATACAATGTCATTCGAATTCAAAAAGTTGTCAACAAGAAGTTGAGGGAGCGGT 3316

Qy   3231 ACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGC 3290
           |   |||||    || |||||| ||||| || || ||||||||||  |||||| || |||
Db   3317 TCTGCCACCGACAGAAGGAAGTGTCTGAGGAGAATCACAACCATCACAATGAGCGCATGT 3376

Qy   3291 TATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATG 3350
          | |||||||| ||||||||   | ||||| ||||| || ||||| ||||||||  | ||||
Db   3377 TGTTTCATGGTTCTCCTTTCATTAATGCCATTATTCATAAAGGGTTTGATGAGCGACATG 3436

Qy   3351 CGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCA 3410
          | |||||||| || |||||||| || || ||||||||||||||||||||| || |||||||
Db   3437 CATACATAGGAGGAATGTTTGGGGCCGGGATTTATTTTGCTGAAAACTCCTCAAAAAGCA 3496

Qy   3411 ATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTT 3470
          | |||||||| ||||||||||||||||| || || || ||    |||||  ||||| || |
Db   3497 ACCAATATGTTTATGGAATTGGAGGAGGAACAGGCTGCCCTACACACAAGGACAGGTCAT 3556

Qy   3471 GTTACATTTGCCACAGGCAGC 3491
          | || || || |||||   ||
Db   3557 GCTATATATGTCACAGCAGGC 3577


RESULT 6
DQ034115
LOCUS       DQ034115                3107 bp    DNA     linear   GSS 02-JUN-2005
DEFINITION  Pan troglodytes TNKS gene, VIRTUAL TRANSCRIPT, partial sequence,
            genomic survey sequence.
ACCESSION   DQ034115
VERSION     DQ034115.1  GI:66885324
KEYWORDS    GSS.
SOURCE      Pan troglodytes (chimpanzee)
  ORGANISM  Pan troglodytes
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Pan.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3107)
  AUTHORS   Nielsen,R., Bustamante,C., Clark,A.G., Glanowski,S., Sackton,T.B.,
            Hubisz,M.J., Fledel-Alon,A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.,
            White,T.J., Sninsky,J.J., Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     A Scan for Positively Selected Genes in the Genomes of Humans and
            Chimpanzees
  JOURNAL   (er) PLoS Biol. 3 (6), E170 (2005)
   PUBMED   15869325
REFERENCE   2  (bases 1 to 3107)
  AUTHORS   Nielsen,R., Bustamante,C., Clark,A.G., Glanowski,S., Sackton,T.B.,
            Hubisz,M.J., Fledel-Alon,A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.,
            White,T.J., Sninsky,J.J., Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (05-MAY-2005) Celera Genomics, 45 West Gude Drive,
            Rockville, MD 20850, USA
COMMENT     This sequence was made by sequencing genomic exons and ordering
            them based on alignment.  Translation starts at the beginning of
            alignment.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..3107
                     /organism="Pan troglodytes"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:9598"
     gene            <1..>3107
                     /gene="TNKS"
                     /locus_tag="HC3703"
ORIGIN

  Query Match             23.5%;  Score 892.2;  DB 14;  Length 3107;
  Best Local Similarity   49.2%;  Pred. No. 2.8e-226;
  Matches 1275;  Conservative    0;  Mismatches 1255;  Indels   63;  Gaps    3;

Qy    941 GTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAG 1000
          || ||  | || |||||||||||| ||||| || |||||
Db    501 GTGCCCCTTCATAATGCCTGTTCATATGGACACTATGANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 560

Qy   1001 CATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCT 1060

Db    561 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 620

Qy   1061 TCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTG 1120
                                               |  ||||  | ||    ||| |
Db    621 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGCCATGGCNCNGATNNNACATTA 680

Qy   1121 CTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGA 1180
           |||  || ||    |||||||||   ||  ||||||| || ||  || | |  || |||
Db    681 GTCANCTGCCATGGCAAAAGTGCTNNNGATATGGCTCCAACTCCGGAGCTTAGGGAGAGA 740

Qy   1181 TTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACT 1240
          ||  | |
Db    741 TTGACTTNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 800

Qy   1241 CGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAA 1300

Db    801 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 860

Qy   1301 ACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTG 1360
                   || |||||||  || ||||   |||||||| | || ||| |    ||| ||
Db    861 NNNNNNNNNCACTGTGCTGTGGCCTCTCTGCATCCCAAACGTAAACAAGTGACAGAATTG 920

Qy   1361 TTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCAC 1420
          || || ||||||||||||||  | |||||||| | |||||| ||| |||||||| |||||
Db    921 TTACTTAGAAAAGGAGCAAATGTTAATGAAAAAAATAAAGATTTCATGACTCCCCTGCAT 980

Qy   1421 GTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAG 1480
          || ||| | || | ||| ||||||||||| | |||||  ||   || ||||  || |||
Db    981 GTTGCAGCCGAAAGAGCCCATAATGATGTCATGGAAGTTCTGCATAAGCATGGCGCCAAG 1040
```

```
Qy          1481 GTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCAT 1540

Db          1041 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 1100

Qy          1541 CTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAG 1600

Db          1101 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 1160

Qy          1601 GGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATC 1660

Db          1161 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 1220

Qy          1661 TCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTC 1720

Db          1221 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 1280

Qy          1721 ------------------------------------GAAACTGTAAAAAAACTGTGTACT 1744
                                                     | | |   |||  |||| || |
Db          1281 NNNNNTAATGTTCGTTTTGTGTTTGTCTTTGTGTGTGCACCACGAAAGCAACTTTGCAGC 1340

Qy          1745 GTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCA 1804
                   ||| | ||| || || |||||| | || || || || || || ||  | || || |||
Db          1341 CCTCAAAATGTGAATTGTAGAGACTTAGAGGGCCGGCATTCCACGCCCTTACACTTCGCA 1400

Qy          1805 GCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCAT 1864
                 || || || ||| | ||||| || || || || ||||||||| || || || ||||| |||
Db          1401 GCAGGCTACAACCGCGTGTCTGTTGTAGAGTACCTGCTACACCACGGTGCCGATGTCCAT 1460

Qy          1865 GCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAA 1924
                 || ||||| || || ||| | || ||  | || ||||| ||||| |||||||| |||||
Db          1461 GCCAAAGACAAGGGTGGCTTGGTGCCCCTTCATAATGCCTGTTCATATGGACACTATGAG 1520

Qy          1925 GTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTT 1984
                 || || || ||| | || |  ||||| ||    || ||||| || || ||||||||||||
Db          1521 GTGGCTGAGCTTTTAGTAAGGCATGGGGCTTCTGTCAATGTGGCGGACTTATGGAAATTT 1580

Qy          1985 ACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAG 2044
                 || ||| | ||||||||||||| |||||||| || ||||| ||||| || ||  |  |
Db          1581 ACCCCTCTCCATGAAGCAGCAGCTAAAGGAAAGTACGAAATCTGCAAGCTCCTTTTAAAA 1640

Qy          2045 CATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAA 2104
                                                            |||||||| | || ||
Db          1641 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNCTTTGGATTTGGTAAAG 1700

Qy          2105 GATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCC 2164
                 || |||   ||  ||||||| ||  | || || || ||||| |||||| | |||||||||
Db          1701 GAAGGANNNACNNATATTCAGGACTTACTGAGAGGGGATGCTGCTTTGTTGGATGCTGCC 1760

Qy          2165 AAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGC 2224
                 |||||||| ||  | || ||||||| ||||| ||| | | || || ||| | || ||| |
Db          1761 AAGAAGGGCTGCCTGGCAAGAGTGCAGAAGCTGTGTACCCCAGAGAATATCAACTGCAGA 1820

Qy          2225 GATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAA 2284
                 || ||||| |||||| ||||||| ||| | ||  | ||||| || || |||||  | |||
Db          1821 GACACCCAGGGCAGAAATTCAACCCCTCTGCACCTGGCAGCAGGCTACAATAACCTGGAA 1880

Qy          2285 GTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTT 2344
                 || || || ||| |  || | || ||||||||||| ||||||||| ||||| || ||  |
Db          1881 GTAGCTGAATATCTTCTAGAGCATGGAGCTGATGTTAATGCCCAGGACAAGGGTGGTTTA 1940

Qy          2345 ATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAG 2404
                 |||||| | |||||||| |||||||| |||||||| ||  |||| ||| || | |||||
Db          1941 ATTCCTCTTCATAATGCGGCATCTTATGGGCATGTTGACATAGCGGCTTTATTGATAAAA 2000

Qy          2405 TATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCC 2464
                 || ||  | ||||| ||||| || || || ||||| || || ||| | || |||||||||
Db          2001 TACAACACGTGTGTAAATGCAACAGATAAGTGGGCGTTTACTCCTCTCCATGAAGCAGCC 2060

Qy          2465 CAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTT 2524
                 || || ||| | || ||||| || ||  |  | ||||| ||||| || ||||| ||  |
Db          2061 CAGAAAGGAAGGACGCAGCTGTGCGCCCTCCTCCTAGCGCATGGTGCAGACCCCACCATG 2120

Qy          2525 AAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTT 2584
                 || || |||||||| || || ||| | ||| | |   |||| || ||| |||| ||| |
Db          2121 AAGAACCAGGAAGGCCAGACGCCTCTGGATCTGGCAACAGCTGACGATATCAGAGCTTTG 2180

Qy          2585 CTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAAT 2644
                 |||| ||  ||||||||||||   ||  | ||  | ||||  || ||||| |
Db          2181 CTGATAGATGCCATGCCCCCAGAGGCCTTACCTACCTGTTTTAAACCTCAGG-------- 2232

Qy          2645 GGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCA 2704
                              |    |        |   ||||    |||    |||| | ||| ||
Db          2233 -------------CTACTGTAGTGAGTGCCTCTCTGATCTCACCAGCATCCACCCCCTCC 2279

Qy          2705 AGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG------GAGTTTTTCAGAACTG 2758
                  |||| ||||| ||||||||  | |||||| |  ||||
Db          2280 TGCCTCTCTGCTGCCAGCAGCATAGACAACCTCACTGGCCNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2339

Qy          2759 TCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTT 2818

Db          2340 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2399

Qy          2819 CCAGGAGTAGATTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATG 2878

Db          2400 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2459

Qy          2879 GATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAG 2938
                                       | ||  | ||||| || | ||| ||||| ||  | |||
Db          2460 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNTTACACTAGATGTGTTGGCTGATATGGGTCATGAAGAG 2519

Qy          2939 CTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAG 2998
                  |||| || || || |||||||| ||||| ||  | |||||| |||| ||||||||| ||
Db          2520 TTGAAAGAAATAGGCATCAATGCATATGGGCACCGCCACAAATTAATCAAAGGAGTNGAA 2579

Qy          2999 AGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGT 3058
                 |||||| |    |||||||||||    || || ||||| |||||  ||     |  |
Db          2580 AGACTTTTAGGTGGACAACAAGGCACCAATCCTTATTTGACTTTTCACTGTGTTAATCAG 2639

Qy          3059 GGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAG 3118
                 ||||| ||| |  | |||||  |||| || |||||||| | |||||| ||||| ||||||
Db          2640 GGAACGATTTTGCTGGATCTTGCTCCAGAAGATAAAGAATATCAGTCAGTGGAAGAAGAG 2699

Qy          3119 ATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGA 3178

Db          2700 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2759

Qy          3179 TACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCAC 3238
                                ||||| || |||   ||||||||  |  ||||  | | |   |||
Db          2760 NNNNNNNNNNNNNNNATTCAAAAAGTTGTCAACAAGAAGTTGAGGGAGCGGTTCTGCCAC 2819

Qy          3239 CGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCAT 3298
                 ||    || ||||| ||||| || || |||||||||  |||||| || ||| | ||||||
Db          2820 CGACAGAAGGAAGTGTCTGAGGAGAATCACAACCATCACAATGAGCGCATGTTGTTTCAT 2879

Qy          3299 GGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATA 3358
                 || ||||||||  | ||||| ||||| || ||||| ||||||||  | ||||| ||||||
Db          2880 GGTTCTCCTTTCATTAATGCCATTATTCATAAAGGGTTTGATGAGCGACATGCATACATA 2939

Qy          3359 GGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATAT 3418
                 || || |||||||| || || |||||||||||||||||||| || |||||||| ||||||
Db          2940 GGAGGAATGTTTGGGGCCGGGATTTATTTTGCTGAAAACTCCTCAAAAAGCAACCAATAT 2999

Qy          3419 GTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATT 3478
                 || ||||||||||||||||| || || || ||    ||||| ||||| || || || ||
Db          3000 GTTTATGGAATTGGAGGAGGAACAGGCTGCCCTACACACAAGGACAGGTCATGCTATATA 3059

Qy          3479 TGCCACAGGCAGC 3491
                 || |||||   ||
Db          3060 TGTCACAGCAGGC 3072


RESULT 7
CR983155
LOCUS       CR983155                 888 bp    mRNA    linear   EST 24-JUN-2005
DEFINITION  CR983155 RZPD no.9017 Homo sapiens cDNA clone RZPDp9017K2313 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   CR983155
VERSION     CR983155.1  GI:68221489
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 888)
  AUTHORS   Heil,O., Ebert,L., Hennig,S., Henze,S., Radelof,U., Schneider,D.
            and Korn,B.
  TITLE     Human T-Lymphocytes library
  JOURNAL   Unpublished (2005)
COMMENT     Contact: Inge Arlart
            RZPD Deutsches Ressourcenzentrum fuer Genomforschung GmbH
            Heubnerweg 6, D-14059 Berlin, Germany
            Email: www.rzpd.de
            RZPD; RZPDp9017K2313.
            RZPDLIB; (Human T-Lymphocytes) RZPD LIB No.9017
            http://www.rzpd.de/cgi-bin/products/set.cgi?libNo=9017 Contact:
            Inge Arlart
            RZPD Deutsches Ressourcenzentrum fuer Genomforschung GmbH
            Heubnerweg 6, D-14059 Berlin, Germany
            Tel: +49 30 32639 100
            Fax: +49 30 32639 111
            www.rzpd.de
            This clone is available from RZPD;
            http://www.rzpd.de/cgi- bin/products/cl.cgi?CloneID=RZPDp9017K2313
            contact RZPD (product- support@rzpd.de) for further information.
            Primer name: qe3_4 , Primer sequence: CGGATAACAATTCACACAG.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..888
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="RZPDp9017K2313"
                     /tissue_type="T-Lymphocytes"
                     /dev_stage="adult"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="RZPD no.9017"
                     /note="Vector: pQE80LSN_cloned; Site_1: SalI; Site_2:
                     NotI; vector:
                     http://www.rzpd.de/info/vectors/pQE80LSN_cloned_pic.shtml
                     ; 1st strand cDNA was prepared from mRNA obtained from
                     human T-Lymphocytes with a NotI - oligo(dT) primer [5'
                     GACTAGTTCTAGATCGCGAGCGGCCGCCCTTTTTTTTTTTTTTT 3'].
                     Double-stranded cDNA was ligated to SalI adaptors,
                     digested with NotI and cloned into the NotI and SalI sites
                     of the pQE80LSN_cloned vector"
ORIGIN

  Query Match             23.3%;  Score 884.4;  DB 8;  Length 888;
  Best Local Similarity   99.7%;  Pred. No. 2.2e-224;
  Matches  885;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       2558 GTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCC 2617
              |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GTTTCAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCC 60

Qy       2618 TCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCT 2677
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 TCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCT 120

Qy       2678 CTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTA 2737
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTA 180

Qy       2738 TCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCC 2797
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 TCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCC 240

Qy       2798 AGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAAT 2857
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 AGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAAT 300

Qy       2858 CTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTA 2917
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTA 360

Qy       2918 GTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCAC 2977
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCAC 420

Qy       2978 AAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTA 3037
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 AAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTA 480

Qy       3038 ACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAG 3097
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 ACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAG 540

Qy       3098 TTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCAT 3157
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 TTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCAT 600

Qy       3158 GCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAA 3217
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 GCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAA 660

Qy       3218 CTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCC 3277
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCC 720

Qy       3278 AATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTT 3337
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 AATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTT 780

Qy       3338 GATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAAC 3397
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 GATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAAC 840

Qy       3398 TCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGG 3445
              ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||
Db        841 TCTTCCAAANGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGNACTGGG 888


RESULT 8
CR987822
LOCUS       CR987822                 926 bp    mRNA    linear   EST 28-JUN-2005
DEFINITION  CR987822 RZPD no.9016 Homo sapiens cDNA clone RZPDp9016I1435 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   CR987822
VERSION     CR987822.1  GI:68281707
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 926)
  AUTHORS   Heil,O., Ebert,L., Hennig,S., Henze,S., Radelof,U., Schneider,D.
            and Korn,B.
  TITLE     Human T-Lymphocytes library
  JOURNAL   Unpublished (2005)
COMMENT     Contact: Inge Arlart
            RZPD Deutsches Ressourcenzentrum fuer Genomforschung GmbH
            Heubnerweg 6, D-14059 Berlin, Germany
            Email: www.rzpd.de
            RZPD; RZPDp9016I1435.
            RZPDLIB; (Human T-Lymphocytes) RZPD LIB No.9016
            http://www.rzpd.de/cgi-bin/products/set.cgi?libNo=9016 Contact:
            Inge Arlart
            RZPD Deutsches Ressourcenzentrum fuer Genomforschung GmbH
            Heubnerweg 6, D-14059 Berlin, Germany
            Tel: +49 30 32639 100
            Fax: +49 30 32639 111
            www.rzpd.de
            This clone is available from RZPD;
            http://www.rzpd.de/cgi- bin/products/cl.cgi?CloneID=RZPDp9016I1435
            contact RZPD (product- support@rzpd.de) for further information.
            Primer name: qe3_4 , Primer sequence: CGGATAACAATTCACACAG.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .926
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="RZPDp9016I1435"
                     /tissue_type="T-Lymphocytes"
                     /dev_stage="adult"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="RZPD no.9016"
                     /note="Vector: pQE80LSN_cloned; Site_1: SalI; Site_2:
                     NotI; vector:
                     http://www.rzpd.de/info/vectors/pQE80LSN_cloned_pic.shtml
                     ; 1st strand cDNA was prepared from mRNA obtained from
                     human T-Lymphocytes with a NotI - oligo(dT) primer [5'
                     GACTAGTTCTAGATCGCGAGCGGCCGCCCTTTTTTTTTTTTTTT 3'].
                     Double-stranded cDNA was ligated to SalI adaptors,
                     digested with NotI and cloned into the NotI and SalI sites
                     of the pQE80LSN_cloned vector"
ORIGIN

  Query Match             22.6%;  Score 859.6;  DB 8;  Length 926;
  Best Local Similarity   98.6%;  Pred. No. 9.3e-218;
  Matches  917;  Conservative    0;  Mismatches    8;  Indels    5;  Gaps    5;

Qy       1628 GAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGA 1687
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGA 60

Qy       1688 CAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTT 1747
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Db         61 CAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGT-AAAAAACTGTGTACTGTT 119

Qy       1748 CAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCT 1807
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        120 CAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCT 179

Qy       1808 GGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCT 1867
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        180 GGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCT 239

Qy       1868 AAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTT 1927
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        240 AAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTT 299

Qy       1928 GCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACA 1987
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        300 GCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACA 359

Qy       1988 CCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCAT 2047
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        360 CCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCAT 419

Qy       2048 GGTGCAGACCCTACCAAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGAT 2107
              |||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        420 GGTGCAGACCCTACAAAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGAT 479

Qy       2108 GGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAG 2167
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        480 GGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAG 539

Qy       2168 AAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGAT 2227
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        540 AAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGAT 599

Qy       2228 ACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTT 2287
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        600 ACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTT 659

Qy       2288 GCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATT 2347
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        660 GCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATT 719

Qy       2348 CCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTAT 2407
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db        720 CCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTANCAGCTCTACTAATAAAGTAT 779

Qy       2408 AATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAA 2467
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Db        780 AATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAA-CAGCCCAA 838

Qy       2468 AAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAA 2527
              ||||||||||||||||||||||| ||||||||| ||| |||| |||||||||||||| ||
Db        839 AAGGGACGAACACAGCTTTGTGC-TTGTTGCTANCCC-TGGANCTGACCCGACTCTT-AA 895

Qy       2528 AATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTA 2557
              |||||||||||||||   |||||| |||||
Db        896 AATCAGGAAGGACAACNCCCTTTAAATTTA 925


RESULT 9
AU140145
LOCUS       AU140145                 838 bp    mRNA    linear   EST 05-AUG-2002
DEFINITION  AU140145 PLACE2 Homo sapiens cDNA clone PLACE2000021 5', mRNA
            sequence.
ACCESSION   AU140145
VERSION     AU140145.1  GI:11001666
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 838)
  AUTHORS   Kimura,K., Wakamatsu,A., Suzuki,Y., Ota,T., Nishikawa,T.,
            Yamashita,R., Yamamoto,J., Sekine,M., Tsuritani,K., Wakaguri,H.,
            Ishii,S., Sugiyama,T., Saito,K., Isono,Y., Irie,R., Kushida,N.,
            Yoneyama,T., Otsuka,R., Kanda,K., Yokoi,T., Kondo,H., Wagatsuma,M.,
            Murakawa,K., Ishida,S., Ishibashi,T., Takahashi-Fujii,A.,
            Tanase,T., Nagai,K., Kikuchi,H., Nakai,K., Isogai,T. and Sugano,S.
  TITLE     Diversification of Transcriptional Modulation: Large-scale
            Identification and Characterization of Putative Alternative
            Promoters of Human Genes
  JOURNAL   Genome Res. 16 (1), 55-65 (2006)
   PUBMED   16344560
COMMENT     Contact: Takao Isogai
            FLJ Project (HRI Team)
            Helix Research Institute
            2-6-7 Kazusa-Kamatari, Kisarazu, Chiba, 292-0818, Japan
            Tel: 81-438-52-3975
            Fax: 81-438-52-3986
            Email: flj-cdna@nifty.com
            HRI human cDNA project; 5'- & 3'-end one pass sequencing: Helix
            Research Institute; cDNA library construction: Department of
            Virology, Institute of Medical Science, University of Tokyo, and
            Helix Research Institute.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .838
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="PLACE2000021"
                     /tissue_type="placenta"
                     /clone_lib="PLACE2"
                     /note="Vector: pME18SFL3"
ORIGIN

  Query Match             20.7%;  Score 784.2;  DB 1;  Length 838;
  Best Local Similarity   98.0%;  Pred. No. 1.3e-197;
  Matches  823;  Conservative    0;  Mismatches   13;  Indels    4;  Gaps    3;
```

```
Qy       2715 CAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTT 2774
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTT 60

Qy       2775 CAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTA 2834
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 CAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTA 120

Qy       2835 GCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAG 2894
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAG 180

Qy       2895 AACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAA 2954
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 AACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAA 240

Qy       2955 TCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGAC 3014
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 TCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGAC 300

Qy       3015 AACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAG 3074
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 AACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAG 360

Qy       3075 ATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTC 3134
              ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 ATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCCGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTC 420

Qy       3135 GAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGA 3194
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 GAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGA 480

Qy       3195 TTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTT 3254
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 TTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTT 540

Qy       3255 CTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGA 3314
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 CTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGA 600

Qy       3315 ATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAG 3374
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 ATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAG 660

Qy       3375 CTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAG 3434
              ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||| 
Db        661 CTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT-CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAN 719

Qy       3435 GAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGC 3494
              || || ||||||||||||||||||||||| ||||||| ||||||||||||| ||||||||
Db        720 GANGT-CTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACCGATCTTGGTACATTTGCCACANGCAGCTGC 778

Qy       3495 TCTTTTG--CCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGC 3552
              |||||||  | ||  | |||||||||||||||| |||||||||| ||||||| |||||||
Db        779 TCTTTTGGCCGGGTAACCCTTGGGAAAGTCTTTTCTGCAGTTCANTGCAATGNAAATGGC 838

RESULT 10
DT808067
LOCUS       DT808067                 898 bp    mRNA    linear   EST 12-OCT-2005
DEFINITION  LB0173.CR_I04 GC_BGC-17 Bos taurus cDNA clone IMAGE:8121774 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   DT808067
VERSION     DT808067.1  GI:75739943
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Bos taurus (cattle)
  ORGANISM  Bos taurus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Cetartiodactyla; Ruminantia;
            Pecora; Bovidae; Bovinae; Bos.
REFERENCE   1  (bases 1 to 898)
  AUTHORS   Moore,S., Alexander,L., Brownstein,M., Guan,L., Lobo,S., Meng,Y.,
```

```
            Tanaguchi,M., Wang,Z., Yu,J., Prange,C., Schreiber,K., Shenmen,C.,
            Wagner,L., Bala,M., Barbazuk,S., Barber,S., Babakaiff,R.,
            Beland,J., Chun,E., Del Rio,L., Gibson,S., Hanson,R.,
            Kirkpatrick,R., Liu,J., Matsuo,C., Mayo,M., Santos,R.R., Stott,J.,
            Tsai,M., Wong,D., Siddiqui,A., Holt,R., Jones,S.J. and Marra,M.A.
  TITLE     Bovine Genome Sequencing Program: Full-length cDNA Sequencing
  JOURNAL   Unpublished (2005)
COMMENT     Contact: Robert Kirkpatrick
            Canada's Michael Smith Genome Sciences Centre
            BC Cancer Agency
            Suite 100, 570 West 7th Avenue, Vancouver, British Columbia,
            Canada, V5Z 4S6
            Tel: 1-604-707-5900 x5406
            Fax: 1-604-876-3561
            Email: robertk@bcgsc.ca
            Plate: LB0173  row: I  column: 4
            High quality sequence stop: 898.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .898
                     /organism="Bos taurus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="L1 Hereford"
                     /db_xref="taxon:9913"
                     /clone="IMAGE:8121774"
                     /sex="male"
                     /tissue_type="Ascending colon"
                     /dev_stage="6 months old fetus"
                     /lab_host="E. coli DH10B T1 Phage Resistant"
                     /clone_lib="GC_BGC-17"
                     /note="Organ: Ascending colon; Vector: pExpress 1; Site_1:
                     Blunt (5' end of cDNA); Site_2: NotI (3' end of cDNA)"
ORIGIN

  Query Match             20.3%;  Score 770.6;  DB 10;  Length 898;
  Best Local Similarity   92.1%;  Pred. No. 5.8e-194;
  Matches  824;  Conservative    0;  Mismatches   69;  Indels    2;  Gaps    1;

Qy       2901 TCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATG 2960
              |||| ||||||||||||||||||||||| ||||||||| |||| ||||| ||||||||||
Db          1 TCACGTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGACACAAGGAGTTGAAAGAGATCGGAATCAATG 60

Qy       2961 CTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAG 3020
              |||| |||||||| |||||||||||||||||||| |||||||||||||| ||||||||||
Db         61 CTTACGGACATAGACACAAACTAATTAAAGGAGTTGAGAGACTTATCTCTGGACAACAAG 120

Qy       3021 GTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGT 3080
              ||||||||||||| |||||| ||||||||||||| |||||||||||||| || |||||||
Db        121 GTCTTAACCCATACTTAACTCTGAACACCTCTGGAAGTGGAACAATTCTCATTGATCTGT 180

Qy       3081 CTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGC 3140
              || |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||| |||||||
Db        181 CTGCTGAAGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAGAGTACAGTCCGAGAGC 240

Qy       3141 ACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGA 3200
              |||||||||||||||| |||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACAGAGATGGAGGTCACGCAGGTGGGATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGA 300

Qy       3201 AGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAG 3260
              | |||||||||||||||||||||||||||||||||||  |||||||||||||||||||||
Db        301 AAGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCATAGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAG 360

Qy       3261 AAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAA 3320
              |||||||||||||||| |||||| |||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db        361 AAAACCACAACCATGCAAATGAAAGAATGCTATTTCATGGGTCTCCCTTTGTGAATGCAA 420

Qy       3321 TTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCA 3380
              ||||||| ||||||||||||||||||||||| ||||||||||| |||||||||||||| |
Db        421 TTATCCATAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCCTACATAGGTGGCATGTTTGGAGCTGGGA 480

Qy       3381 TTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTA 3440
              | |||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Db        481 TCTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAGTATGTATATGGAATTGGAGGAGGTA 540
```

```
Qy       3441 CTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTT 3500
              |||| |||||||| || |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||| |
Db        541 CTGGATGTCCAGTACATAAAGACAGATCTTGTTACATCTGCCACAGGCAGCTGCTCTTCT 600

Qy       3501 GCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTC 3560
              |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Db        601 GCCGTGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCGCATTCTC 660

Qy       3561 CTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAAT 3620
              ||||||| |||||||||||||||||  | || |||||||| ||||||||||||||||| |
Db        661 CTCCAGGCCATCACTCAGTCACTGGCCGACCTAGTGTAAACGGCCTAGCATTAGCTGAGT 720

Qy       3621 ATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGA 3680
              ||||||| |||||||| || |||||||||||||| ||||||||||||||||||||| | |
Db        721 ATGTTATCTACAGAGGCGAGCAGGCTTATCCTGAATATTTAATTACTTACCAGATTGTAA 780

Qy       3681 GGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCT 3740
              |||||||||||||||| ||||| ||||||||| ||||| |||||||   |||| ||||||
Db        781 GGCCTGAAGGTATGGTTGATGGGTAAATAGTTGTTTTAGGAAACTAGCACCACCGAACCT 840

Qy       3741 AAAATCATCAAAGCAGCAG--TGGCCTCTACGTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAA 3793
              ||||||||| ||||||| |   | |   || ||||||||||||||||| |||||
Db        841 AAAATCATCTAAGCAGCTGGTGGCCTCGTAAGTTTACTCCTTTGCTGAGAAAAA 895

RESULT 11
CK847047/c
LOCUS       CK847047                 834 bp    mRNA    linear   EST 05-MAR-2004
DEFINITION  969630 MARC 4BOV Bos taurus cDNA 3', mRNA sequence.
ACCESSION   CK847047
VERSION     CK847047.1  GI:45208162
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Bos taurus (cattle)
  ORGANISM  Bos taurus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Cetartiodactyla; Ruminantia;
            Pecora; Bovidae; Bovinae; Bos.
REFERENCE   1  (bases 1 to 834)
  AUTHORS   Smith,T.P.L., Grosse,W.M., Freking,B.A., Roberts,A.J., Stone,R.T.,
            Casas,E., Wray,J.E., White,J., Cho,J., Fahrenkrug,S.C.,
            Bennett,G.L., Heaton,M.P., Laegreid,W.W., Rohrer,G.A.,
            Chitko-McKown,C.G., Pertea,G., Holt,I., Karamycheva,S., Liang,F.,
            Quackenbush,J. and Keele,J.W.
  TITLE     Sequence evaluation of four pooled-tissue normalized bovine cDNA
            libraries and construction of a gene index for cattle
  JOURNAL   Genome Res. 11 (4), 626-630 (2001)
   PUBMED   11282978
COMMENT     Contact: Smith TPL
            USDA, ARS, US Meat Animal Research Center
            PO Box 166, Clay Center, NE 68933-0166, USA
            Tel: 402 762 4366
            Fax: 402 762 4390
            Email: smith@email.marc.usda.gov
            Single pass sequencing. Bases called with phred v0.020425.c and
            trimmed with the aid of the trim_alt option. Vector identified with
            cross_match v0.990329.
            Plate: 98  row: I  column: 7
            Seq primer: GTAATACGACTCACTATAGGG.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..834
                     /organism="Bos taurus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9913"
                     /tissue_type="pooled"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="MARC 4BOV"
                     /note="Vector: pCMV SPORT6; Site_1: NotI; Site_2: SalI;
                     Library made from pooled tissue from day 20 and day 40
                     embryos."
ORIGIN

  Query Match             20.2%;  Score 766.8;  DB 5;  Length 834;
  Best Local Similarity   95.0%;  Pred. No. 5.8e-193;
  Matches  792;  Conservative    0;  Mismatches   42;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1228 AGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCC 1287
              |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||
Db        834 AGCTGATGTTACACGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAACTTTAAGCATCC 775

Qy       1288 TCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCA 1347
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        774 TCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCA 715

Qy       1348 AATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTT 1407
              |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db        714 AATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCCAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTT 655

Qy       1408 GACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAA 1467
              |||||||||||||||||| ||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db        654 GACTCCTCTGCACGTGGCTTCTGAGAAAGCTCATAACGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAA 595

Qy       1468 ACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGC 1527
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | |||||||||||
Db        594 ACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTTTGCACAGAGCTGC 535

Qy       1528 ATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACAT 1587
              | ||||||||||||| |||||||||||| |||||||||||||||| ||||||||||||||
Db        534 ACATTGTGGTCATCTGCAAACCTGCCGCTTACTCCTGAGCTATGGATGTGATCCTAACAT 475

Qy       1588 TATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCT 1647
              |||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||| |||||||| ||
Db        474 TATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCCTTACAGATGGGAAATGAAAATGTGCAGCAACTTCT 415

Qy       1648 CCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAA 1707
               |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Db        414 TCAAGAGGGTATCCCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAGTTGCTGGAAGCTGCAAA 355

Qy       1708 GGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGA 1767
              |||||||||||| ||||| ||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Db        354 GGCTGGAGATGTAGAAACCGTAAAAAAATTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGA 295

Qy       1768 CATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGT 1827
              ||||||||| |||||||||||||| || |||||||||||||| |||||  | ||||| ||
Db        294 CATTGAAGGACGTCAGTCTACACCGCTCCATTTTGCAGCTGGCTATAATCGGGTGTCTGT 235

Qy       1828 GGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGT 1887
              ||||||||||||||| || || |||||||| |||||||| ||||| ||||||||||||||
Db        234 GGTGGAATATCTGCTGCAACACGGAGCTGACGTGCATGCGAAAGACAAAGGAGGCCTTGT 175

Qy       1888 ACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACA 1947
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||| ||
Db        174 ACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAGCTTCTTGTTAAGCA 115

Qy       1948 TGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGC 2007
              |||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Db        114 TGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGACTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCTGCAGC 55

Qy       2008 AAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTAC 2061
               |||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||| ||
Db         54 CAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTTCAGCATGGTGCAGACCCCAC 1

RESULT 12
DN536421
LOCUS       DN536421                 848 bp    mRNA    linear   EST 11-MAR-2005
DEFINITION  1372517 MARC 7BOV Bos taurus cDNA 5', mRNA sequence.
ACCESSION   DN536421
VERSION     DN536421.1  GI:60988240
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Bos taurus (cattle)
  ORGANISM  Bos taurus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Cetartiodactyla; Ruminantia;
            Pecora; Bovidae; Bovinae; Bos.
REFERENCE   1  (bases 1 to 848)
  AUTHORS   Smith,T.P.L., Roberts,A.J., Echternkamp,S.E., Chitko-McKown,C.G.,
            Wray,J.E. and Keele,J.W.
  TITLE     A second set of bovine ESTs from pooled-tissue normalized libraries
  JOURNAL   Unpublished (2003)
COMMENT     Contact: Smith TPL
            USDA, ARS, US Meat Animal Research Center
            PO Box 166, Clay Center, NE 68933-0166, USA
            Tel: 402 762 4366
            Fax: 402 762 4390
            Email: smith@email.marc.usda.gov
            Single pass sequencing. Bases called with phred v0.020425.c and
            trimmed with the aid of the trim_alt option. Vector identified with
            cross_match v0.990329.
            Plate: RLK8064  row: G  column: 17
            Seq primer: GTAATACGACTCACTATAGGG.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..848
                     /organism="Bos taurus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9913"
                     /tissue_type="pooled"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="MARC 7BOV"
                     /note="Vector: pcDNA3.1; Site_1: EcoRI; Site_2: NotI;
                     Library made with RNA pooled from multiple tissues
                     including ovary, hindbrain, uterus, and day-30 whole
                     embryos."
ORIGIN

  Query Match             18.7%;  Score 709;  DB 9;  Length 848;
  Best Local Similarity   91.5%;  Pred. No. 1.7e-177;
  Matches  762;  Conservative    0;  Mismatches   70;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy       1589 ATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTC 1648
              | ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||| |||||||| ||
Db         15 AGATCCCTTCAGGGCTTTACTGCCTTACAGATGGGAAATGAAAATGTGCAGCAACTTCTT 74

Qy       1649 CAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAG 1708
              |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Db         75 CAAGAGGGTATCCCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAGTTGCTGGAAGCTGCAAAG 134

Qy       1709 GCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGAC 1768
              ||||||||||| ||||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        135 GCTGGAGATGTAGAAACCGTAAAAAAATTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGAC 194

Qy       1769 ATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTG 1828
              |||||||| |||||||||||||| || |||||||||||||| |||||  | ||||| |||
Db        195 ATTGAAGGACGTCAGTCTACACCGCTCCATTTTGCAGCTGGCTATAATCGGGTGTCTGTG 254

Qy       1829 GTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTA 1888
              |||||||||||||| || || |||||||| |||||||| ||||| |||||||||||||||
Db        255 GTGGAATATCTGCTGCAACACGGAGCTGACGTGCATGCGAAAGACAAAGGAGGCCTTGTA 314

Qy       1889 CCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACAT 1948
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||| |||
Db        315 CCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAGCTTCTTGTTAAGCAT 374

Qy       1949 GGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCA 2008
              ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Db        375 GGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGACTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCTGCAGCC 434

Qy       2009 AAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAA 2068
              |||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||| || || |||
Db        435 AAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTTCAGCATGGTGCAGACCCCACAAAGAAA 494

Qy       2069 AACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGAT 2128
              ||||| |||||||| || ||||||||||| || ||||| ||||||||||||||||| |||
Db        495 AACAGAGATGGAAACACCCCTTTGGATCTGGTGAAAGAAGGAGATACAGATATTCAGGAT 554

Qy       2129 CTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTG 2188
              |||||| ||||||||||||||||  | ||||||||||||||||| ||||| ||||||||
Db        555 CTGCTTCGGGGAGATGCAGCTTTATTGGATGCTGCCAAGAAGGGCTGTTTGGCCAGAGTA 614

Qy       2189 AAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACA 2248
              |||||| ||||||| || ||||||||||| ||||| |||||||||||| | |||||||||
Db        615 AAGAAGCTGTCTTCACCAGATAATGTAAACTGCCGTGATACCCAAGGCCGGCATTCAACA 674

Qy       2249 CCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACAC 2308
              || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||| |  |||| ||
Db        675 CCCTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCGGAATATCTCCTACAGCAT 734

Qy       2309 GGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCT 2368
              ||||||||||||||||| || ||||||||||||||||| |||||||| ||||||||||||
Db        735 GGAGCTGATGTGAATGCTCAGGACAAAGGAGGACTTATCCCTTTACACAATGCAGCATCT 794

Qy       2369 TACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAA 2421
              ||||| |||||||||||||||||| | |||||||| |||||||| ||||||||
Db        795 TACGGCCATGTAGATGTAGCAGCTTTGCTAATAAA-TATAATGCGTGTGTCAA 846


RESULT 13
DA733094
LOCUS       DA733094                 819 bp    mRNA    linear   EST 09-NOV-2005
DEFINITION  DA733094 NT2RP2 Homo sapiens cDNA clone NT2RP2002155 5', mRNA
            sequence.
ACCESSION   DA733094
VERSION     DA733094.1  GI:81281747
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 819)
  AUTHORS   Kimura,K., Wakamatsu,A., Suzuki,Y., Ota,T., Nishikawa,T.,
            Yamashita,R., Yamamoto,J., Sekine,M., Tsuritani,K., Wakaguri,H.,
            Ishii,S., Sugiyama,T., Saito,K., Isono,Y., Irie,R., Kushida,N.,
            Yoneyama,T., Otsuka,R., Kanda,K., Yokoi,T., Kondo,H., Wagatsuma,M.,
            Murakawa,K., Ishida,S., Ishibashi,T., Takahashi-Fujii,A.,
            Tanase,T., Nagai,K., Kikuchi,H., Nakai,K., Isogai,T. and Sugano,S.
  TITLE     Diversification of Transcriptional Modulation: Large-scale
            Identification and Characterization of Putative Alternative
            Promoters of Human Genes
  JOURNAL   Genome Res. 16 (1), 55-65 (2006)
   PUBMED   16344560
COMMENT     Contact: Takao Isogai
            FLJ Project (HRI Team)
            Helix Research Institute
            2-6-7 Kazusa-Kamatari, Kisarazu, Chiba, 292-0818, Japan
            Tel: 81-438-52-3975
            Fax: 81-438-52-3986
            Email: flj-cdna@nifty.com
            HRI human cDNA project; 5'- & 3'-end one pass sequencing: Helix
            Research Institute (HRI); cDNA library construction: Department of
            Virology, Institute of Medical Science, University of Tokyo, and
            HRI.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..819
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="NT2RP2002155"
                     /cell_type="teratocarcinoma"
                     /cell_line="NT2"
                     /clone_lib="NT2RP2"
                     /note="Vector: pME18SFL3; mRNA from NT2 neuronal precursor
                     cells after 2-weeks retinoic acid (RA) induction"
ORIGIN

  Query Match             18.2%;  Score 692.8;  DB 9;  Length 819;
  Best Local Similarity   93.0%;  Pred. No. 3.5e-173;
  Matches  763;  Conservative    0;  Mismatches   52;  Indels    5;  Gaps    4;

Qy       1525 TGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAA 1584
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 TGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAA 60
```

```
Qy       1585 CATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGAAATGAAAATGTACAGCAACT 1644
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 CATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGAAATGAAAATGTACAGCAACT 120

Qy       1645 CCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGC 1704
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGC 180

Qy       1705 AAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAG 1764
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 AAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAG 240

Qy       1765 AGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTC 1824
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 AGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTC 300

Qy       1825 CGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCT 1884
              |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGANCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCT 360

Qy       1885 TGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAA 1944
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 TGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAA 420

Qy       1945 ACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGC 2004
              |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 ACATGGAGCAGTAGTTAATGTANCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGC 480

Qy       2005 AGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAA 2064
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Db        481 AGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAA 540

Qy       2065 AAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGAT-GGAGATACAGATATTC 2123
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Db        541 AAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGGAGATACAGATATTC 600

Qy       2124 AAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAG--AAGGGTTGTTTAGC 2181
               | ||||||||| |||| ||||| |||||||| ||||||||||   ||||||  || | |
Db        601 CANATCTGCTTANGGGAAATGCA-CTTTGCTAAATGCTGCCAANAAAAGGGTGTTTAACC 659

Qy       2182 CAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACA 2241
                 | |||| || ||||||||| |||||||||| |||||||||||||||| | |   |
Db        660 ANAAATGAAAAAAATTGTCTTCTACTGATAATGTTAATTGCCGCGATACCCCAAGGCAAAC 719

Qy       2242 TTCAACACCTTTACATTT-AGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGT 2300
              ||| |||||||||||||| | || ||||||||||||||||| || ||||| | |||||||
Db        720 TTCCACACCTTTACATTTAANCANCTGGTTATAATAATTTAAAAATTGCAAAATATTTGT 779

Qy       2301 TACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGG 2340
              |||| |  | |     | | |   ||||  |||||||| |
Db        780 TACACCCNGAACTAATTTTAATGCCCCANAACAAAGGAAG 819


RESULT 14
CB183123
LOCUS       CB183123                 955 bp    mRNA    linear   EST 31-JAN-2003
DEFINITION  AGENCOURT_11385409 NIH_MGC_164 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:30244272 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CB183123
VERSION     CB183123.1  GI:28181571
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia;
            Sciurognathi; Muroidea; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 955)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Dr. David Rowe and Dr. Mina
            cDNA Library Preparation: Invitrogen Corp
            cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
            DNA Sequencing by: Agencourt Bioscience Corporation
            Clone distribution: MGC clone distribution information can be
           found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
           http://image.llnl.gov
           Plate: NDAM0316  row: o  column: 01
           High quality sequence stop: 779.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..955
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:30244272"
                     /lab_host="DH10B (phage-resistant)"
                     /clone_lib="NIH_MGC_164"
                     /note="Vector: pCMV-SPORT6.1; Site_1: EcoRV; Site_2: NotI;
                     Non-normalized full-length enriched library from pooled
                     mouse embryonic limb, maxilla and mandible, day 10.5 and
                     11.5 (size selected for the 0.5-1 kb fragments) Cloned
                     directionally, priming method: Oligo-dT.  cDNA enrichment:
                     >1k bp, Average insert size 1.8k bp. Priming sequence:
                     5'GACTAGTTCTAGATCGCGAGCGGCCGCCC(T) 3'. Tissue contributed
                     by, David Rowe. Library constructed by ResGen, Invitrogen
                     Corp."
ORIGIN

  Query Match             18.1%;  Score 687.8;  DB 4;  Length 955;
  Best Local Similarity   88.5%;  Pred. No. 8.1e-172;
  Matches  768;  Conservative    0;  Mismatches   98;  Indels    2;  Gaps    2;

Qy       2816 GTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTA 2875
              | | ||||| | |||||||| |||||||| ||| ||||||| ||||||||||||||| |
Db          1 GATTCAGGAATCGATTTTAGTATAACTCAGTTCATAAGGAACCTTGGACTTGAGCACTTG 60

Qy       2876 ATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAG 2935
              |||||||||||||||||||||||||| || || |||||  ||||||| ||||| ||||||
Db         61 ATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATTACCTTAGATGTCCTAGTTGAAATGGGCCACAAG 120

Qy       2936 GAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTC 2995
              || ||||| ||||||||||||||||| ||||||||| | ||||| || |||||||||||
Db        121 GAACTGAAAGAGATTGGAATCAATGCCTATGGACATCGACACAAGCTGATTAAAGGAGTT 180

Qy       2996 GAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGT 3055
              || || || ||||| ||||||||||||||||| |||||||||||| | |||| |||||||
Db        181 GAAAGGCTGATCTCTGGACAACAAGGTCTTAATCCATATTTAACTCTAAACAACTCTGGT 240

Qy       3056 AGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAA 3115
              |||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||| |||
Db        241 AGTGGAACAATTCTCATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAATTTCAGTCTGTGGAAGAA 300

Qy       3116 GAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAAC 3175
              |||||||| ||||| || || |||||||||||||| ||||| ||||| ||  ||||||||
Db        301 GAGATGCAGAGTACTGTGCGGGAGCACAGAGATGGTGGTCACGCAGGCGGCGTCTTCAAC 360

Qy       3176 AGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACT 3235
              |||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||||||||||| ||
Db        361 AGATACAACATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAATTGTGGGAAAGATATACA 420

Qy       3236 CACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTT 3295
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||| | ||| |||||
Db        421 CACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCAAACGAAAGGATGTTATTT 480

Qy       3296 CATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTAC 3355
              ||||||||||||||||||||||| |||||||| || |||||||||||||||||||| |||
Db        481 CATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCGATTATCCATAAGGGCTTTGATGAAAGGCATGCATAC 540

Qy       3356 ATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAA 3415
              |||||||| |||||||||||||| ||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Db        541 ATAGGTGGCATGTTTGGAGCTGGAATTTATTTTGCTGAGAACTCTTCCAAAAGCAATCAA 600

Qy       3416 TATGTATAT-GGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTA 3474
              ||||| ||| ||||||||||| || || || |||||| |||||||||||||||| |||||
Db        601 TATGTGTATNGGAATTGGAGGTGGCACCGGATGTCCAATTCACAAAGACAGATCGTGTTA 660

Qy       3475 CATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTT 3534
              |||||| |||||||||||||| ||||| || ||||||||||||||||||||| |||||||
Db        661 CATTTGTCACAGGCAGCTGCTGTTTTGTCGAGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCTTGCAGTT 720

Qy       3535 CAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAG 3594
              ||| |||||||||||||||||||||||||| || |||||||| ||||||||  |||||||
Db        721 CAGCGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCCGGCCATCACTCGGTCACTGGCCGGCCCAG 780

Qy       3595 TGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGA 3654
              ||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||
Db        781 TGTAAAT-GCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTATCCCTGA 839

Qy       3655 GTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGG 3682
                  |  | |||  |  ||  | | || |
Db        840 TATCTATACTACCAATGAGCTGANGATG 867


RESULT 15
CB128566
LOCUS       CB128566                 675 bp    mRNA    linear   EST 29-JAN-2003
DEFINITION  K-EST0178055 L11SNU354 Homo sapiens cDNA clone L11SNU354-7-A10 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   CB128566
VERSION     CB128566.1  GI:28091690
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 675)
  AUTHORS   Kim,N.S., Hahn,Y., Oh,J.H., Lee,J.Y., Ahn,H.Y., Chu,M.Y., Kim,M.R.,
            Oh,K.J., Cheong,J.E., Sohn,H.Y., Kim,J.M., Park,H.S., Kim,S. and
            Kim,Y.S.
  TITLE     21C Frontier Korean EST Project 2001
  JOURNAL   Unpublished (2002)
COMMENT     Contact: Kim YS
            Genome Research Center
            Korea Research Institute of Bioscience & Biotechnology
            52 Eoeun-dong Yuseong-gu, Daejeon 305-333, South Korea
            Tel: +82-42-860-4470
            Fax: +82-42-860-4409
            Email: yongsung@mail.kribb.re.kr
            Plate: 7  row: A  column: 10
            High quality sequence stop: 675.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..675
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="L11SNU354-7-A10"
                     /sex="M"
                     /tissue_type="Liver"
                     /cell_type="Polygonal"
                     /cell_line="SNU-354"
                     /lab_host="Top10F'"
                     /clone_lib="L11SNU354"
                     /note="Organ: Liver; Vector: pCNS-D2; Site_1: EcoRI;
                     Site_2: NotI; The poly (A)+ RNA was dephosphorylated with
                     bacterial alkaline phosphatase (BAP) and then decapped
                     with tobacco acid pyrophosphatase (TAP). The decapped
                     intact mRNA was ligated with DNA-RNA linker including
                     EcoRI site by treatment of T4 RNA ligase and the first
                     strand cDNA was synthesized from oligo dT-selected mRNA by
                     priming with dT-tailed vector. The dT-tailed vector was
                     adjusted to have about 60nt. The cDNA vector was
                     circularized with E. coli DNA ligase after digestion of
                     EcoRI which site is also included in vector. An RNA strand
                     converted to a DNA strand by Okayama-Berg method. The
                     obtained cDNA vectors were used for transformation of
                     competent cells E. coli Top10F' by electroporation method.
```

```
                     The cDNA libraries constructed by this method are
                     full-length enriched cDNA library."
ORIGIN

  Query Match             17.7%;  Score 672.4;  DB 4;  Length 675;
  Best Local Similarity   99.7%;  Pred. No. 9.4e-168;
  Matches  673;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       2417 GTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGA 2476
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGA 60

Qy       2477 ACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAA 2536
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 ACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAA 120

Qy       2537 GGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCC 2596
              ||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCC 180

Qy       2597 ATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGC 2656
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGC 240

Qy       2657 CCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCA 2716
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 CCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCA 300

Qy       2717 GCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCA 2776
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 GCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCA 360

Qy       2777 AGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGC 2836
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 AGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGC 420

Qy       2837 ATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAA 2896
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 ATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAA 480

Qy       2897 CAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATC 2956
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATC 540

Qy       2957 AATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAA 3016
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 AATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAA 600

Qy       3017 CAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGAT 3076
              |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CAAGGTCTTAACCCATATTTAACTNTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGAT 660

Qy       3077 CTGTCTCCTGATGAT 3091
              |||||||||||||||
Db        661 CTGTCTCCTGATGAT 675


Search completed: December 19, 2006, 01:59:33
Job time : 16800.5 secs
```

```
                    GenCore version 5.1.9
           Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.


OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on:         December 18, 2006, 13:00:26 ; Search time 652.368 Seconds
                                           (without alignments)
                                           10890.483 Million cell updates/sec

Title:          US-10-616-101-1
Perfect score:  3797
Sequence:       1 ctttgaagacactggatttc..........cctttgctgaaaaaaaaaaa 3797

Scoring table:  IDENTITY_NUC
                Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched:       1403666 seqs, 935554401 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      2807332

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       Issued_Patents_NA:*
                1:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/1_COMB.seq:*
                2:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/5_COMB.seq:*
                3:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/6A_COMB.seq:*
                4:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/6B_COMB.seq:*
                5:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/7_COMB.seq:*
                6:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/H_COMB.seq:*
                7:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/PCTUS_COMB.seq:*
                8:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/PP_COMB.seq:*
                9:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/RE_COMB.seq:*
                10:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/backfiles1.seq:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                                    SUMMARIES
                  %
Result          Query
  No.   Score   Match Length DB  ID                        Description
 ------------------------------------------------------------------------------
     1    3797  100.0    3797  3  US-09-696-668-1           Sequence 1, Appli
     2    3797  100.0    3797  3  US-09-843-159B-1          Sequence 1, Appli
     3  3393.4   89.4    3816  3  US-09-696-668-2           Sequence 2, Appli
     4  3393.4   89.4    3816  3  US-09-843-159B-2          Sequence 2, Appli
     5  3388.8   89.2    4275  3  US-09-972-115A-5          Sequence 5, Appli
     6  3387.2   89.2    5075  3  US-09-799-451-556         Sequence 556, App
     7  3387.2   89.2    6018  3  US-09-849-602-11          Sequence 11, Appl
     8    3386   89.2    3394  3  US-09-427-154-1           Sequence 1, Appli
     9  3382.8   89.1    4512  3  US-09-350-982C-3          Sequence 3, Appli
    10  3291.8   86.7    3498  3  US-09-350-982C-4          Sequence 4, Appli
    11  2969.6   78.2    4493  3  US-09-972-115A-1          Sequence 1, Appli
    12  2968.2   78.2    4297  3  US-09-972-115A-3          Sequence 3, Appli
    13  1813.4   47.8    4134  3  US-09-196-387-1           Sequence 1, Appli
    14  1813.4   47.8    4134  3  US-09-841-835-1           Sequence 1, Appli
    15  1813.4   47.8    4134  3  US-09-972-115A-7          Sequence 7, Appli
    16  1449.6   38.2    4491  3  US-09-196-387-7           Sequence 7, Appli
    17  1449.6   38.2    4491  3  US-09-841-835-7           Sequence 7, Appli
    18  1297.8   34.2    4657  3  US-09-196-387-9           Sequence 9, Appli
    19  1297.8   34.2    4657  3  US-09-841-835-9           Sequence 9, Appli
    20     994   26.2    2409  3  US-09-964-899-40          Sequence 40, Appl
c   21   518.4   13.7     520  3  US-09-972-115A-10         Sequence 10, Appl
    22   380.4   10.0     384  3  US-09-972-115A-9          Sequence 9, Appli
    23   249.4    6.6     770  3  US-09-270-767-13625       Sequence 13625, A
    24   121.2    3.2     523  3  US-09-196-387-12          Sequence 12, Appl
    25   121.2    3.2     523  3  US-09-841-835-12          Sequence 12, Appl
    26    97.4    2.6   14770  3  US-09-220-132-30          Sequence 30, Appl
    27    97.4    2.6   14770  3  US-09-949-016-1107        Sequence 1107, Ap
    28      93    2.4    5235  2  US-09-031-485-35          Sequence 35, Appl
c   29      93    2.4    5235  2  US-09-031-485-36          Sequence 36, Appl
    30      93    2.4    5235  2  US-08-847-429A-35         Sequence 35, Appl
c   31      93    2.4    5235  2  US-08-847-429A-36         Sequence 36, Appl
    32      93    2.4    5235  3  US-09-065-474-35          Sequence 35, Appl
c   33      93    2.4    5235  3  US-09-065-474-36          Sequence 36, Appl
    34      93    2.4    5235  3  US-09-557-034-35          Sequence 35, Appl
c   35      93    2.4    5235  3  US-09-557-034-36          Sequence 36, Appl
    36      93    2.4    5503  2  US-09-031-485-32          Sequence 32, Appl
c   37      93    2.4    5503  2  US-09-031-485-34          Sequence 34, Appl
    38      93    2.4    5503  2  US-08-847-429A-32         Sequence 32, Appl
c   39      93    2.4    5503  2  US-08-847-429A-34         Sequence 34, Appl
    40      93    2.4    5503  3  US-09-065-474-32          Sequence 32, Appl
c   41      93    2.4    5503  3  US-09-065-474-34          Sequence 34, Appl
    42      93    2.4    5503  3  US-09-557-034-32          Sequence 32, Appl
c   43      93    2.4    5503  3  US-09-557-034-34          Sequence 34, Appl
    44    90.8    2.4    8560  3  US-09-949-016-1788        Sequence 1788, Ap
    45    90.8    2.4    8560  3  US-09-949-016-1789        Sequence 1789, Ap


                                    ALIGNMENTS


RESULT 1
US-09-696-668-1
; Sequence 1, Application US/09696668
; Patent No. 6617102
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  APPLICANT:  Ossovskaya, Valeria
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE H, COMPOSITIONS INVOLVED IN THE CELL CYCLE AND METHODS
;  FILE REFERENCE: A-68292-1/RMS/DHR
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/696,668
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-23
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 11
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 3797
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-696-668-1

  Query Match             100.0%;  Score 3797;  DB 3;  Length 3797;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 3797;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 CTTTGAAGACACTGGATTTCATACTTTTGCCTGGGGTTATCTCTCTGTGTCTCACTACAT 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CTTTGAAGACACTGGATTTCATACTTTTGCCTGGGGTTATCTCTCTGTGTCTCACTACAT 60

Qy         61 AGACAAATATTAGCTGTGAGCAGATCTTTTTTTGTTGCTTCTTGTAGTCCCCCAGTTTAG 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 AGACAAATATTAGCTGTGAGCAGATCTTTTTTTGTTGCTTCTTGTAGTCCCCCAGTTTAG 120

Qy        121 CAGAAACATTCTGTGAGATAGATGTGGGAAAGGAATTCTAGCAAGAGTTTTGTCACTGTA 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CAGAAACATTCTGTGAGATAGATGTGGGAAAGGAATTCTAGCAAGAGTTTTGTCACTGTA 180

Qy        181 TCATAAGGTTGTGATTTACATATTTAAGTTTTATACTTTGAACATCTGAAAATGTATACA 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 TCATAAGGTTGTGATTTACATATTTAAGTTTTATACTTTGAACATCTGAAAATGTATACA 240

Qy        241 TACTAAATATGCAGAACTCTATTGTAGAGTGAGAAACATTTGAACTTTGAGCTTTCAGTC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 TACTAAATATGCAGAACTCTATTGTAGAGTGAGAAACATTTGAACTTTGAGCTTTCAGTC 300

Qy    301 ACTTATTTTGTATTCTTTCTTTGAGGTTAGCAGTAGTACCACCCAAGGCACTGCTTAGGT 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 ACTTATTTTGTATTCTTTCTTTGAGGTTAGCAGTAGTACCACCCAAGGCACTGCTTAGGT 360

Qy    361 ACCACTGCTGCTTAGTGGAGAGTCCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGA 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 ACCACTGCTGCTTAGTGGAGAGTCCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGA 420

Qy    421 CGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCT 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 CGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCT 480

Qy    481 TATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCG 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 TATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCG 540

Qy    541 ACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 ACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGC 600

Qy    601 AATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCAT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 AATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCAT 660

Qy    661 CCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 CCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCT 720

Qy    721 TACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAA 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 TACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAA 780

Qy    781 AATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTC 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 AATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTC 840

Qy    841 AACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCA 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 AACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCA 900

Qy    901 ACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTG 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 ACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTG 960

Qy    961 TTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGC 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 TTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGC 1020

Qy   1021 AATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 AATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGT 1080

Qy   1081 ATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 ATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAG 1140

Qy   1141 TGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGG 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 TGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGG 1200

Qy   1201 CCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTC 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 CCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTC 1260

Qy   1261 TCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGC 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 TCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGC 1320

Qy   1321 TGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAA 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 TGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAA 1380

Qy   1381 CATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCA 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 CATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCA 1440

Qy   1441 TAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCT 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 TAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCT 1500

Qy   1501 TGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACT 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 TGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACT 1560

Qy   1561 CCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGAT 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 CCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGAT 1620

Qy   1621 GGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGC 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 GGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGC 1680

Qy   1681 AGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTG 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 AGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTG 1740

Qy   1741 TACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTT 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 TACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTT 1800

Qy   1801 TGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGT 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 TGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGT 1860

Qy   1861 GCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTA 1920

Qy   1921 TGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAA 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 TGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAA 1980

Qy   1981 ATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCT 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 ATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCT 2040

Qy   2041 CCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGT 2100

Qy   2101 TAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 TAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGC 2160

Qy   2161 TGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTG 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 TGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTG 2220

Qy   2221 CCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTT 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 CCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTT 2280

Qy   2281 AGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGG 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 AGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGG 2340

Qy   2341 ACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAAT 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 ACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAAT 2400

Qy   2401 AAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGC 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 AAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGC 2460
```

```
Qy       2461 AGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGAC 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 AGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGAC 2520

Qy       2521 TCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGC 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 TCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGC 2580

Qy       2581 TCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 TCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCT 2640

Qy       2641 CAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 CAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCC 2700

Qy       2701 ATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTC 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 ATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTC 2760

Qy       2761 TTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCC 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 TTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCC 2820

Qy       2821 AGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGA 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 AGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGA 2880

Qy       2881 TATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCT 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 TATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCT 2940

Qy       2941 GAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 GAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAG 3000

Qy       3001 ACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGG 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGG 3060

Qy       3061 AACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGAT 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 AACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGAT 3120

Qy       3121 GCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATA 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 GCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATA 3180

Qy       3181 CAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCG 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCG 3240

Qy       3241 GAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGG 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 GAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGG 3300

Qy       3301 GTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGG 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGG 3360

Qy       3361 TGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGT 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 TGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGT 3420

Qy       3421 ATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTG 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTG 3480

Qy       3481 CCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 CCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGC 3540

Qy       3541 AATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAA 3600
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 AATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAA 3600

Qy       3601 TGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 TGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTT 3660

Qy       3661 AATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 AATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAG 3720

Qy       3721 AAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCT 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 AAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCT 3780

Qy       3781 TTGCTGAAAAAAAAAAA 3797
              |||||||||||||||||
Db       3781 TTGCTGAAAAAAAAAAA 3797


RESULT 2
US-09-843-159B-1
; Sequence 1, Application US/09843159B
; Patent No. 6887675
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Yin
;  APPLICANT:  Chan, Evan
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods c
;  FILE REFERENCE: A-68292-2/RMS/DHR
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/843,159B
;  CURRENT FILING DATE:  2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 17
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 3797
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-843-159B-1

  Query Match             100.0%;  Score 3797;  DB 3;  Length 3797;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 3797;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 CTTTGAAGACACTGGATTTCATACTTTTGCCTGGGGTTATCTCTCTGTGTCTCACTACAT 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CTTTGAAGACACTGGATTTCATACTTTTGCCTGGGGTTATCTCTCTGTGTCTCACTACAT 60

Qy         61 AGACAAATATTAGCTGTGAGCAGATCTTTTTTTGTTGCTTCTTGTAGTCCCCCAGTTTAG 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 AGACAAATATTAGCTGTGAGCAGATCTTTTTTTGTTGCTTCTTGTAGTCCCCCAGTTTAG 120

Qy        121 CAGAAACATTCTGTGAGATAGATGTGGGAAAGGAATTCTAGCAAGAGTTTTGTCACTGTA 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CAGAAACATTCTGTGAGATAGATGTGGGAAAGGAATTCTAGCAAGAGTTTTGTCACTGTA 180

Qy        181 TCATAAGGTTGTGATTTACATATTTAAGTTTTATACTTTGAACATCTGAAAATGTATACA 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 TCATAAGGTTGTGATTTACATATTTAAGTTTTATACTTTGAACATCTGAAAATGTATACA 240

Qy        241 TACTAAATATGCAGAACTCTATTGTAGAGTGAGAAACATTTGAACTTTGAGCTTTCAGTC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 TACTAAATATGCAGAACTCTATTGTAGAGTGAGAAACATTTGAACTTTGAGCTTTCAGTC 300

Qy        301 ACTTATTTTGTATTCTTTCTTTGAGGTTAGCAGTAGTACCACCCAAGGCACTGCTTAGGT 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ACTTATTTTGTATTCTTTCTTTGAGGTTAGCAGTAGTACCACCCAAGGCACTGCTTAGGT 360
```

```
Qy          361 ACCACTGCTGCTTAGTGGAGAGTCCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGA 420
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          361 ACCACTGCTGCTTAGTGGAGAGTCCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGA 420

Qy          421 CGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCT 480
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          421 CGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCT 480

Qy          481 TATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCG 540
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          481 TATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCG 540

Qy          541 ACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGC 600
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          541 ACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGC 600

Qy          601 AATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCAT 660
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          601 AATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCAT 660

Qy          661 CCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCT 720
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          661 CCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCT 720

Qy          721 TACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAA 780
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          721 TACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAA 780

Qy          781 AATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTC 840
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          781 AATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTC 840

Qy          841 AACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCA 900
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          841 AACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCA 900

Qy          901 ACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTG 960
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          901 ACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTG 960

Qy          961 TTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGC 1020
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          961 TTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGC 1020

Qy         1021 AATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGT 1080
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1021 AATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGT 1080

Qy         1081 ATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAG 1140
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1081 ATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAG 1140

Qy         1141 TGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGG 1200
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1141 TGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGG 1200

Qy         1201 CCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTC 1260
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1201 CCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTC 1260

Qy         1261 TCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGC 1320
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1261 TCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGC 1320

Qy         1321 TGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAA 1380
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1321 TGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAA 1380

Qy         1381 CATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCA 1440
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1381 CATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCA 1440

Qy         1441 TAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCT 1500
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1441 TAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCT 1500

Qy         1501 TGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACT 1560
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1501 TGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACT 1560

Qy         1561 CCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGAT 1620
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1561 CCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGAT 1620

Qy         1621 GGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGC 1680
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1621 GGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGC 1680

Qy         1681 AGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTG 1740
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1681 AGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTG 1740

Qy         1741 TACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTT 1800
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1741 TACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTT 1800

Qy         1801 TGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGT 1860
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1801 TGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGT 1860

Qy         1861 GCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTA 1920
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1861 GCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTA 1920

Qy         1921 TGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAA 1980
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1921 TGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAA 1980

Qy         1981 ATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCT 2040
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1981 ATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCT 2040

Qy         2041 CCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGT 2100
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2041 CCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGT 2100

Qy         2101 TAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGC 2160
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2101 TAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGC 2160

Qy         2161 TGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTG 2220
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2161 TGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTG 2220

Qy         2221 CCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTT 2280
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2221 CCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTT 2280

Qy         2281 AGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGG 2340
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2281 AGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGG 2340

Qy         2341 ACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAAT 2400
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2341 ACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAAT 2400

Qy         2401 AAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGC 2460
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2401 AAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGC 2460

Qy         2461 AGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGAC 2520
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2461 AGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGAC 2520

Qy         2521 TCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGC 2580
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2521 TCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGC 2580

Qy         2581 TCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCT 2640
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2581 TCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCT 2640

Qy         2641 CAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCC 2700
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2641 CAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCC 2700

Qy         2701 ATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTC 2760
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2701 ATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTC 2760

Qy         2761 TTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCC 2820
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2761 TTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCC 2820

Qy         2821 AGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGA 2880
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2821 AGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGA 2880

Qy         2881 TATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCT 2940
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2881 TATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCT 2940

Qy         2941 GAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAG 3000
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2941 GAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAG 3000

Qy         3001 ACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGG 3060
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3001 ACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGG 3060

Qy         3061 AACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGAT 3120
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3061 AACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGAT 3120

Qy         3121 GCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATA 3180
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3121 GCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATA 3180

Qy         3181 CAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCG 3240
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3181 CAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCG 3240

Qy         3241 GAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGG 3300
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3241 GAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGG 3300

Qy         3301 GTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGG 3360
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3301 GTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGG 3360

Qy         3361 TGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGT 3420
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3361 TGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGT 3420

Qy         3421 ATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTG 3480
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3421 ATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTG 3480

Qy         3481 CCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGC 3540
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3481 CCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGC 3540

Qy         3541 AATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAA 3600
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3541 AATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAA 3600

Qy         3601 TGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTT 3660
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3601 TGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTT 3660

Qy         3661 AATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAG 3720
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3661 AATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAG 3720

Qy         3721 AAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCT 3780
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3721 AAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCT 3780

Qy         3781 TTGCTGAAAAAAAAAAA 3797
                |||||||||||||||||
Db         3781 TTGCTGAAAAAAAAAAA 3797


RESULT 3
US-09-696-668-2
; Sequence 2, Application US/09696668
; Patent No. 6617102
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  APPLICANT:  Ossovskaya, Valeria
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE H, COMPOSITIONS INVOLVED IN THE CELL CYCLE AND METHODS
;  FILE REFERENCE: A-68292-1/RMS/DHR
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/696,668
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-23
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 11
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 2
;   LENGTH: 3816
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-696-668-2

  Query Match             89.4%;  Score 3393.4;  DB 3;  Length 3816;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3394;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db          422 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 481

Qy          463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          482 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 541

Qy          523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          542 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 601

Qy          583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          602 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 661

Qy          643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          662 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 721

Qy          703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          722 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 781

Qy          763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          782 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 841

Qy          823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          842 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 901
```

```
Qy     883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     902 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 961

Qy     943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     962 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1021

Qy    1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1022 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1081

Qy    1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1082 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1141

Qy    1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1142 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1201

Qy    1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1202 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1261

Qy    1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1262 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1321

Qy    1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1322 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1381

Qy    1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1382 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1441

Qy    1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1442 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1501

Qy    1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1502 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1561

Qy    1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1562 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1621

Qy    1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1622 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1681

Qy    1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1682 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1741

Qy    1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1742 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1801

Qy    1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1802 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1861

Qy    1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1862 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1921

Qy    1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1922 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1981

Qy    1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1982 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2041

Qy    2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2042 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2101

Qy    2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2102 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2161

Qy    2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2162 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2221

Qy    2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2222 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2281

Qy    2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2282 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2341

Qy    2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2342 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2401

Qy    2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2402 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2461

Qy    2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2462 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2521

Qy    2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2522 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2581

Qy    2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2582 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2641

Qy    2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2642 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2701

Qy    2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2702 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2761

Qy    2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2762 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2821

Qy    2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2822 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2881

Qy    2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2882 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2941

Qy    2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2942 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3001

Qy    2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3002 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3061

Qy    3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3062 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3121

Qy        3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3122 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3181

Qy        3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3182 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3241

Qy        3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3242 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3301

Qy        3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3302 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3361

Qy        3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3362 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3421

Qy        3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3422 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3481

Qy        3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3482 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3541

Qy        3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3542 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3601

Qy        3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3602 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3661

Qy        3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3662 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3721

Qy        3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3722 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3781

Qy        3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3797
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3782 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3816


RESULT 4
US-09-843-159B-2
; Sequence 2, Application US/09843159B
; Patent No. 6887675
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Yin
;  APPLICANT:  Chan, Evan
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods
;  FILE REFERENCE: A-68292-2/RMS/DHR
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/843,159B
;  CURRENT FILING DATE:  2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 17
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 2
;   LENGTH: 3816
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-843-159B-2

  Query Match             89.4%;  Score 3393.4;  DB 3;  Length 3816;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3394;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy         403 AGGTTTTGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db         422 AGGTTTTGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 481

Qy         463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         482 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 541

Qy         523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         542 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 601

Qy         583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         602 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 661

Qy         643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         662 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 721

Qy         703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         722 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 781

Qy         763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         782 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 841

Qy         823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         842 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 901

Qy         883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         902 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 961

Qy         943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         962 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1021

Qy        1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1022 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1081

Qy        1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1082 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1141

Qy        1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1142 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1201

Qy        1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1202 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1261

Qy        1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1262 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1321

Qy        1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1322 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1381

Qy        1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1382 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1441

Qy       1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1442 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1501

Qy       1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1502 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1561

Qy       1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1562 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1621

Qy       1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1622 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1681

Qy       1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1682 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1741

Qy       1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1742 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1801

Qy       1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1802 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1861

Qy       1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1862 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1921

Qy       1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1922 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1981

Qy       1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1982 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2041

Qy       2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2042 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2101

Qy       2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2102 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2161

Qy       2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2162 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2221

Qy       2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2222 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2281

Qy       2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2282 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2341

Qy       2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2342 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2401

Qy       2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2402 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2461

Qy       2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2462 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2521

Qy       2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2522 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2581

Qy       2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2582 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2641

Qy       2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2642 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2701

Qy       2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2702 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2761

Qy       2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2762 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2821

Qy       2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2822 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2881

Qy       2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2882 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2941

Qy       2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2942 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3001

Qy       2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3002 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3061

Qy       3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3062 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3121

Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3122 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3181

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3182 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3241

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3242 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3301

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3302 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3361

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3362 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3421

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3422 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3481

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3482 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3541

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3542 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3601
```

```
Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3602 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3661

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3662 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3721

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3722 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3781

Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3797
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3782 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3816
```

```
RESULT 5
US-09-972-115A-5
; Sequence 5, Application US/09972115A
; Patent No. 6599728
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:  Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 5
;   LENGTH: 4275
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (284)..(3781)
;   OTHER INFORMATION:
US-09-972-115A-5

  Query Match             89.2%;  Score 3388.8;  DB 3;  Length 4275;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3390;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db        481 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 540

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 600

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 660

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 720

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 780

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 840

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 900

Qy        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 960

Qy        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 1020

Qy        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1080

Qy       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1140

Qy       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1200

Qy       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1260

Qy       1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1320

Qy       1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1380

Qy       1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1440

Qy       1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1500

Qy       1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1560

Qy       1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1620

Qy       1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1680

Qy       1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1740

Qy       1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1800

Qy       1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1860

Qy       1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1920
```

```
Qy          1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1921 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1980

Qy          1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1981 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2040

Qy          1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2041 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2100

Qy          2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGATGGAAA 2082
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db          2101 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGATGGAAA 2160

Qy          2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2161 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2220

Qy          2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2221 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2280

Qy          2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2281 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2340

Qy          2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2341 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2400

Qy          2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2401 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2460

Qy          2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2461 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2520

Qy          2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2521 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2580

Qy          2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2581 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2640

Qy          2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2641 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2700

Qy          2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2701 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2760

Qy          2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2761 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2820

Qy          2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2821 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2880

Qy          2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2881 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2940

Qy          2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2941 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 3000

Qy          2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3001 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3060

Qy          2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3061 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3120

Qy          3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3121 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3180

Qy          3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3181 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3240

Qy          3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3241 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3300

Qy          3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3301 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3360

Qy          3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3361 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3420

Qy          3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3421 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3480

Qy          3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3481 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3540

Qy          3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3541 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3600

Qy          3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3601 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3660

Qy          3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3661 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3720

Qy          3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3721 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3780

Qy          3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3781 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3840

Qy          3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3841 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3872

RESULT 6
US-09-799-451-556
; Sequence 556, Application US/09799451
; Patent No. 6783969
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Tang, Y. Tom
;  APPLICANT:  Zhou, Ping
;  APPLICANT:  Goodrich, Ryle
;  APPLICANT:  Asundi, Vinod
;  APPLICANT:  Ren, Feiyan
;  APPLICANT:  Zhang, Jie
;  APPLICANT:  Xue, Aidong J.
;  APPLICANT:  Zhao, Qing A.
;  APPLICANT:  Wang, Jian-Rui
;  APPLICANT:  Ma, Yunqing
;  APPLICANT:  Yamazaki, Victoria
;  APPLICANT:  Chen, Rui-hong
;  APPLICANT:  Wang, Zhiwei
;  APPLICANT:  Wang, Dunrui
;  APPLICANT:  Yang, Yonghong
;  APPLICANT:  Wehrman, Tom
;  APPLICANT:  Ghosh, Reena
;  APPLICANT:  Drmanac, Radoje T.
;  TITLE OF INVENTION: No. 6783969el Nucleic Acids and
;  TITLE OF INVENTION:  Polypeptides
;  FILE REFERENCE: 803
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/799,451
;  CURRENT FILING DATE:  2001-03-05
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 948
;  SOFTWARE: pt_FL_genes Version 2.0
; SEQ ID NO 556
;   LENGTH: 5075
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (253)..(3750)
US-09-799-451-556

  Query Match             89.2%;  Score 3387.2;  DB 3;  Length 5075;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||||||
Db        450 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAAAATGGTGCAAATGTCCAAGC 509

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        510 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 569

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        570 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 629

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        630 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 689

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        690 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 749

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        750 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 809

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        810 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 869

Qy        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        870 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 929

Qy        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        930 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 989

Qy        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        990 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1049

Qy       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1050 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1109

Qy       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1110 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1169

Qy       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1170 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1229

Qy       1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1230 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1289

Qy       1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1290 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1349

Qy       1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1350 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1409

Qy       1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1410 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1469

Qy       1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1470 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1529

Qy       1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1530 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1589

Qy       1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1590 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1649

Qy       1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1650 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1709

Qy       1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1710 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1769

Qy       1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1770 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1829

Qy       1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1830 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1889

Qy       1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1890 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1949

Qy       1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1950 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2009

Qy       1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2010 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2069

Qy       2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db       2070 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2129

Qy       2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2130 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2189
```

```
Qy       2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2190 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2249

Qy       2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2250 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2309

Qy       2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2310 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2369

Qy       2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2370 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2429

Qy       2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2430 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2489

Qy       2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2490 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2549

Qy       2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2550 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2609

Qy       2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2610 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2669

Qy       2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2670 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2729

Qy       2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2730 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2789

Qy       2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2790 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2849

Qy       2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2850 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2909

Qy       2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2910 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2969

Qy       2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2970 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3029

Qy       2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3030 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3089

Qy       3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3090 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3149

Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3150 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3209

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3210 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3269

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3270 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3329

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3330 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3389

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3390 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3449

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3450 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3509

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3510 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3569

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3570 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3629

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3630 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3689

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3690 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3749

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3750 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3809

Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3810 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3841

RESULT 7
US-09-849-602-11
; Sequence 11, Application US/09849602
; Patent No. 6794501
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Scanlan, Matthew J.
;  APPLICANT:  Old, Lloyd J.
;  APPLICANT:  Stockert, Elisabeth
;  APPLICANT:  Chen, Yao-Tseng
;  TITLE OF INVENTION: Colon Cancer Antigen Panel
;  FILE REFERENCE: L0461/7105(JRV)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/849,602
;  CURRENT FILING DATE:  2001-05-04
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 30
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO 11
;   LENGTH: 6018
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapien
US-09-849-602-11

  Query Match             89.2%;  Score 3387.2;  DB 3;  Length 6018;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db        418 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 477

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        478 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 537
```

```
Qy    523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    538 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 597

Qy    583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    598 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 657

Qy    643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    658 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 717

Qy    703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    718 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 777

Qy    763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    778 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 837

Qy    823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    838 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 897

Qy    883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    898 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 957

Qy    943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    958 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1017

Qy   1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1018 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1077

Qy   1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1078 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1137

Qy   1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1138 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1197

Qy   1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1198 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1257

Qy   1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1258 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1317

Qy   1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1318 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1377

Qy   1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1378 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1437

Qy   1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1438 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1497

Qy   1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1498 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1557

Qy   1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1558 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1617

Qy   1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1618 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1677

Qy   1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1678 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1737

Qy   1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1738 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1797

Qy   1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1798 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1857

Qy   1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1858 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1917

Qy   1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1918 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1977

Qy   1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1978 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2037

Qy   2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db   2038 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2097

Qy   2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2098 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2157

Qy   2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2158 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2217

Qy   2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2218 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2277

Qy   2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2278 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2337

Qy   2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2338 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2397

Qy   2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2398 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2457

Qy   2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2458 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2517

Qy   2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2518 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2577

Qy   2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
          ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2578 AGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2637

Qy   2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2638 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2697

Qy   2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2698 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2757

Qy       2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2758 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2817

Qy       2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2818 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2877

Qy       2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2878 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2937

Qy       2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2938 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2997

Qy       2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2998 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3057

Qy       3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3058 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3117

Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3118 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3177

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3178 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3237

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3238 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3297

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3298 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3357

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3358 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3417

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3418 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3477

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3478 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3537

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3538 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3597

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3598 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3657

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3658 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3717

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3718 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3777

Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3778 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3809


RESULT 8
US-09-427-154-1
; Sequence 1, Application US/09427154
; Patent No. 6589725
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT:  Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  TITLE OF INVENTION:  TANKYRASE H, COMPOSTIONS INVOLVED IN THE CELL CYCLE AND
;  TITLE OF INVENTION:  METHODS OF USE
;  FILE REFERENCE:  A-68292-DJB/RMS/DAV
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/427,154
;  CURRENT FILING DATE:  1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS:  9
;  SOFTWARE:  PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 3394
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-427-154-1

  Query Match             89.2%;  Score 3386;  DB 3;  Length 3394;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    5;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        404 GGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGCA 463
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Db          1 GGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCA 60

Qy        464 CGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTA 523
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 CGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTA 120

Qy        524 GTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACT 583
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACT 180

Qy        584 CCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCAT 643
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 CCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCAT 240

Qy        644 GGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCA 703
              ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GGAGCTGAGCCAACCATCCTAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCA 300

Qy        704 TCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGG 763
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGG 360

Qy        764 AGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCA 823
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 AGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCA 420

Qy        824 AGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATT 883
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 AGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATT 480

Qy        884 GTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTA 943
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 GTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTA 540

Qy        944 CCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCAT 1003
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 CCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCAT 600

Qy       1004 GGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCT 1063
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 GGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCT 660
```

```
Qy   1064 AAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTC 1123
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 AAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTC 720

Qy   1124 AATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTA 1183
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 AATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTA 780

Qy   1184 GCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGA 1243
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 GCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGA 840

Qy   1244 ATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACA 1303
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 ATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACA 900

Qy   1304 GCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTG 1363
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 GCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTG 960

Qy   1364 CTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTG 1423
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 CTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTG 1020

Qy   1424 GCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTT 1483
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 GCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTT 1080

Qy   1484 AATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTA 1543
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 AATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTA 1140

Qy   1544 CAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGC 1603
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 CAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGC 1200

Qy   1604 TTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCA 1663
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 TTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCA 1260

Qy   1664 TTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAA 1723
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 TTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAA 1320

Qy   1724 ACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAG 1783
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 ACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAG 1380

Qy   1784 TCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTA 1843
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 TCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTA 1440

Qy   1844 CAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCA 1903
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 CAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCA 1500

Qy   1904 TGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAAT 1963
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 TGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAAT 1560

Qy   1964 GTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAA 2023
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 GTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAA 1620

Qy   2024 ATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAAT 2083
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 ATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAAT 1680

Qy   2084 ACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGAT 2143
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  |||||||||||||||||
Db   1681 ACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCATTATCTGCTTAGGGGAGAT 1740

Qy   2144 GCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCT 2203
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 GCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCT 1800

Qy   2204 CCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCA 2263
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 CCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCA 1860

Qy   2264 GCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAAT 2323
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAAT 1920

Qy   2324 GCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGAT 2383
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 GCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGAT 1980

Qy   2384 GTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTC 2443
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 GTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTC 2040

Qy   2444 ACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCC 2503
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 ACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCC 2100

Qy   2504 CATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCA 2563
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 CATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCA 2160

Qy   2564 GCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGT 2623
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 GCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGT 2220

Qy   2624 TACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCT 2683
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 TACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCT 2280

Qy   2684 TCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGG 2743
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 TCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGG 2340

Qy   2744 AGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTG 2803
          ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 AGTTTTTCAGAACTGTCTTCATTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTG 2400

Qy   2804 GAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGA 2863
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 GAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGA 2460

Qy   2864 CTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAG 2923
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 CTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAG 2520

Qy   2924 ATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTA 2983
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 ATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTA 2580

Qy   2984 ATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTG 3043
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 ATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTG 2640

Qy   3044 AACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAG 3103
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 AACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAG 2700

Qy   3104 TCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGT 3163
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 TCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGT 2760

Qy   3164 GGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGG 3223
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 GGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGG 2820

Qy   3224 GAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAA 3283
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAA 2880

Qy       3284 CGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAA 3343
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 CGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAA 2940

Qy       3344 AGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCC 3403
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCC 3000

Qy       3404 AAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGAC 3463
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 AAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGAC 3060

Qy       3464 AGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCT 3523
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 AGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCT 3120

Qy       3524 TTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACT 3583
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACT 3180

Qy       3584 GGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAG 3643
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAG 3240

Qy       3644 GCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGA 3703
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 GCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGA 3300

Qy       3704 TAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGC 3763
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 TAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGC 3360

Qy       3764 CTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAAA 3797
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAAA 3394


RESULT 9
US-09-350-982C-3
; Sequence 3, Application US/09350982C
; Patent No. 6455290
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT:  Berthelsen, Jens
;  APPLICANT:  Toma, Salvatore
;  APPLICANT:  Isacchi, Antonella
;  TITLE OF INVENTION:   Tankyrase Homolog Protein(THP), Nucleic Acids, and Methods Rela
;  TITLE OF INVENTION:  Same
;  FILE REFERENCE:   PHRM-0043
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/350,982C
;  CURRENT FILING DATE:  1999-07-09
;  NUMBER OF SEQ ID NOS:   10
;  SOFTWARE:   PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 4512
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Artificial
;   FEATURE:
;   OTHER INFORMATION: PCR Primers
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1124)..(1124)
;   OTHER INFORMATION: n is any nucleic acid
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2672)..(2672)
;   OTHER INFORMATION: n is any nucleic acid
US-09-350-982C-3

  Query Match             89.1%;  Score 3382.8;  DB 3;  Length 4512;
  Best Local Similarity   99.7%;  Pred. No. 0;
  Matches 3381;  Conservative    6;  Mismatches    5;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db        220 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 279

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        280 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 339

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        340 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 399

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        400 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 459

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        460 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 519

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        520 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 579

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        580 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 639

Qy        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        640 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 699

Qy        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        700 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 759

Qy        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        760 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 819

Qy       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        820 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 879

Qy       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        880 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 939

Qy       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        940 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 999

Qy       1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1000 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1059

Qy       1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1060 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1119

Qy       1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
              |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1120 AGCANTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1179

Qy       1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
              |||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1180 GCTAAGAAAAGGAGCAAMCATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1239

Qy       1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
              |||||||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1240 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATRTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1299

Qy       1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1300 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1359

Qy       1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1360 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1419

Qy       1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1420 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1479

Qy       1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1480 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1539

Qy       1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1540 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1599

Qy       1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1600 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1659

Qy       1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||::|:|||||||||||||||||||||
Db       1660 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGRRGSCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1719

Qy       1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1720 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1779

Qy       1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1780 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 1839

Qy       2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db       1840 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 1899

Qy       2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1900 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 1959

Qy       2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
              |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1960 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGAGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2019

Qy       2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2020 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2079

Qy       2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2080 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2139

Qy       2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2140 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2199

Qy       2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2200 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2259

Qy       2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||
Db       2260 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGKTGCTAGC 2319

Qy       2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2320 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2379

Qy       2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2380 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2439

Qy       2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2440 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2499

Qy       2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2500 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2559

Qy       2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2560 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2619

Qy       2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Db       2620 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGNATCTTGG 2679

Qy       2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2680 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2739

Qy       2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2740 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2799

Qy       2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2800 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 2859

Qy       3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2860 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 2919

Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2920 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 2979

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2980 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3039

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3040 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3099

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3100 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3159

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3160 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3219

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3220 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3279

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3280 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3339

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3340 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3399

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3400 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3459

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3460 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3519
```

```
Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3520 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3579

Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3580 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3611


RESULT 10
US-09-350-982C-4
; Sequence 4, Application US/09350982C
; Patent No. 6455290
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT:  Berthelsen, Jens
;  APPLICANT:  Toma, Salvatore
;  APPLICANT:  Isacchi, Antonella
;  TITLE OF INVENTION:   Tankyrase Homolog Protein(THP), Nucleic Acids, and Methods Rela
;  TITLE OF INVENTION:  Same
;  FILE REFERENCE:   PHRM-0043
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/350,982C
;  CURRENT FILING DATE:  1999-07-09
;  NUMBER OF SEQ ID NOS:   10
;  SOFTWARE:   PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO 4
;   LENGTH: 3498
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Artificial
;   FEATURE:
;   OTHER INFORMATION: PCR Primers
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (1)..(3498)
;   NAME/KEY: misc_feature
;   OTHER INFORMATION: Xaa is any amino acid
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1102)..(1102)
;   OTHER INFORMATION: n is any nucleic acid
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2650)..(2650)
;   OTHER INFORMATION: n is any nucleic acid
US-09-350-982C-4

  Query Match             86.7%;  Score 3291.8;  DB 3;  Length 3498;
  Best Local Similarity   99.7%;  Pred. No. 0;
  Matches 3290;  Conservative    6;  Mismatches    5;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db        198 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 257

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        258 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 317

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        318 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 377

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        378 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 437

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        438 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 497

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        498 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 557

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        558 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 617

Qy        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        618 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 677

Qy        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        678 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 737

Qy        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        738 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 797

Qy       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        798 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 857

Qy       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        858 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 917

Qy       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        918 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 977

Qy       1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        978 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1037

Qy       1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1038 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1097

Qy       1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
              |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1098 AGCANTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1157

Qy       1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
              |||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1158 GCTAAGAAAAGGAGCAAMCATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1217

Qy       1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
              |||||||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1218 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATRTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1277

Qy       1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1278 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1337

Qy       1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1338 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1397

Qy       1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1398 CTTTACTGCTTTACAGATGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1457

Qy       1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1458 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1517

Qy       1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1518 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1577

Qy       1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1578 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1637

Qy       1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||::|:|||||||||||||||||||||
Db       1638 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGRRGSCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1697
```

```
Qy       1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1698 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1757

Qy       1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1758 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 1817

Qy       2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db       1818 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 1877

Qy       2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1878 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 1937

Qy       2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
              |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1938 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGAGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 1997

Qy       2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1998 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2057

Qy       2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2058 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2117

Qy       2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2118 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2177

Qy       2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2178 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2237

Qy       2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||
Db       2238 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGKTGCTAGC 2297

Qy       2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2298 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2357

Qy       2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2358 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2417

Qy       2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2418 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2477

Qy       2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2478 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2537

Qy       2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2538 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2597

Qy       2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Db       2598 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGNATCTTGG 2657

Qy       2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2658 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2717

Qy       2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2718 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2777

Qy       2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2778 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 2837

Qy       3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2838 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 2897

Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2898 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 2957

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2958 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3017

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3018 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3077

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3078 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3137

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3138 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3197

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3198 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3257

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3258 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3317

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3318 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3377

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3378 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3437

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3438 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3497

Qy       3703 A 3703
              |
Db       3498 A 3498


RESULT 11
US-09-972-115A-1
; Sequence 1, Application US/09972115A
; Patent No. 6599728
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:  Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 4493
;    TYPE: DNA
;    ORGANISM: Homo sapiens
;    FEATURE:
;    NAME/KEY: CDS
;    LOCATION: (1)..(3999)
;    OTHER INFORMATION:
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (1)..(586)
;    OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;    OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (596)..(597)
;    OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;    OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (621)..(621)
;    OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;    OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (626)..(626)
;    OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;    OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (629)..(629)
;    OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;    OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (638)..(638)
;    OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;    OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (693)..(694)
;    OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;    OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (724)..(724)
;    OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;    OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (730)..(730)
;    OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;    OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (764)..(764)
;    OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;    OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (791)..(791)
;    OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;    OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (2148)..(2148)
;    OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;    OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (2177)..(2177)
;    OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;    OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (2382)..(2382)
;    OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;    OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (2398)..(2398)
;    OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;    OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (2466)..(2466)
;    OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;    OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (2468)..(2468)
;    OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;    OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (2493)..(2493)
;    OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;    OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (2536)..(2860)
;    OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;    OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (3163)..(3163)
;    OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;    OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (3488)..(3499)
;    OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;    OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
US-09-972-115A-1

  Query Match             78.2%;  Score 2969.6;  DB 3;  Length 4493;
  Best Local Similarity   88.6%;  Pred. No. 0;
  Matches 3028;  Conservative    1;  Mismatches  363;  Indels   27;  Gaps    2;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||| || |  || ||||||||||||| |||||||||| | ||||| |
Db        672 AGGTTTTGGGCGGAAAAACCTNNTTAAATATTTGCTTCAAAATGGTGCAAATNTCCAANC 731

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              || | || |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||| ||
Db        732 ACTTTATAATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATANTGCATGCTCTTTTGGTCATGCTAAAAN 791

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        792 TATCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 851

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        852 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 911

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        912 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 971

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        972 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 1031

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1032 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 1091

Qy        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1092 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 1151

Qy        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1152 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 1211

Qy        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1212 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1271

Qy       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1272 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1331

Qy       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1332 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1391

Qy       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1392 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1451

Qy          1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1452 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1511

Qy          1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1512 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1571

Qy          1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1572 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1631

Qy          1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1632 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1691

Qy          1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1692 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1751

Qy          1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1752 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1811

Qy          1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1812 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1871

Qy          1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1872 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1931

Qy          1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1932 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1991

Qy          1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1992 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 2051

Qy          1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2052 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 2111

Qy          1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db          2112 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGNGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 2171

Qy          1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
                 ||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2172 ATGTTNTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2231

Qy          1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2232 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2291

Qy          2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db          2292 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2351

Qy          2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
                 ||||| |||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||| |||||||||||||
Db          2352 TACTCTTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGANACAGATATTCAAGATNTGCTTAGGGGAGA 2411

Qy          2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
                 ||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||
Db          2412 TGCAGTTTTGTTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTNTNTTT 2471

Qy          2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
                 ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2472 TCCTGATAATGTAAATTGCCGNGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2531

Qy          2263 AGCT------GGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGA 2316
                 || |
Db          2532 AGGTNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2591

Qy          2317 TGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCA 2376

Db          2592 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2651

Qy          2377 TGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATG 2436

Db          2652 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2711

Qy          2437 GGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTT 2496

Db          2712 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2771

Qy          2497 GCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTT 2556

Db          2772 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2831

Qy          2557 AGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCC 2616
                                              |||||||||||||||||||||||| ||||||
Db          2832 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGTTCTGCC 2891

Qy          2617 CTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGC 2676
                 ||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2892 CTCTTGTAACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGC 2951

Qy          2677 TCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTT 2736
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2952 TCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTT 3011

Qy          2737 ATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTC 2796
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3012 ATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTC 3071

Qy          2797 CAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAA 2856
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3072 CAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAA 3131

Qy          2857 TCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATT 2916
                 |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db          3132 TCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTNAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATT 3191

Qy          2917 AGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCA 2976
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||
Db          3192 AGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGWATCAATGCTTATGGACATAGGCA 3251

Qy          2977 CAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTT 3036
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3252 CAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTT 3311

Qy          3037 AACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGA 3096
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3312 AACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGA 3371

Qy          3097 GTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCA 3156
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3372 GTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCA 3431

Qy          3157 TGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAA 3216
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3432 TGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACANNNN 3491

Qy          3217 ACTATG---------------------GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTC 3255
                                            |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3492 NNNNNNNNGAGCCAAGATTCGGCACGAGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTC 3551

Qy          3256 TGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAA 3315
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3552 TGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAA 3611
```

```
Qy        3316 TGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGC 3375
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3612 TGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGC 3671

Qy        3376 TGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGG 3435
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3672 TGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGG 3731

Qy        3436 AGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCT 3495
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3732 AGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCT 3791

Qy        3496 CTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACA 3555
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3792 CTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACA 3851

Qy        3556 TTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGC 3615
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3852 TTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGC 3911

Qy        3616 TGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGAT 3675
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3912 TGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGAT 3971

Qy        3676 TATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTG 3735
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3972 TATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTG 4031

Qy        3736 AACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4032 AACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 4090


RESULT 12
US-09-972-115A-3
; Sequence 3, Application US/09972115A
; Patent No. 6599728
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:  Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 4297
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (1)..(3801)
;   OTHER INFORMATION:
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1)..(1)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (125)..(125)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (293)..(293)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (328)..(328)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (341)..(341)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (378)..(378)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (415)..(415)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (432)..(432)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (459)..(459)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (496)..(496)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (517)..(517)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (534)..(534)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (553)..(553)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (562)..(562)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (614)..(614)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (619)..(619)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (632)..(632)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (637)..(637)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (643)..(643)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (680)..(680)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (682)..(682)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (711)..(713)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1971)..(1971)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2000)..(2000)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2175)..(2175)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2180)..(2180)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2205)..(2205)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2221)..(2221)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2289)..(2289)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2316)..(2316)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2359)..(2674)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2977)..(2977)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2291)..(2291)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
US-09-972-115A-3

  Query Match             78.2%;  Score 2968.2;  DB 3;  Length 4297;
  Best Local Similarity   88.3%;  Pred. No. 0;
  Matches 3020;  Conservative    7;  Mismatches  381;  Indels   12;  Gaps    2;

Qy        384 CCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGA 443
              |||    ||  | :|    | ||||||||||||||||| || ||:||||||||||||| |
Db        476 CCCCGCTGCACTTYCCCGCANGTTTTGGGCGGAAAGACTTANTTRAATATTTGCTTCANA 535

Qy        444 ATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCT 503
              ||||||||| |||:||| |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        536 ATGGTGCAAATGTYCAANCACGTGATNATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCT 595

Qy        504 CTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTC 563
              |||||||||:||||:||    || |||||||||||| |||| ||||| |:||||||||||
Db        596 CTTTTGGTCMTGCTRAAANTATCNATCTCCTTTTGCNACATNGTGCANAMCCCAATGCTC 655

Qy        564 GAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTT 623
              |||||||||||||||||||||||| | ||||||||||||||||||||||||||||   ||
Db        656 GAGATAATTGGAATTATACTCCTCNCNATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGANNNTT 715

Qy        624 GCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAG 683
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        716 GCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAG 775

Qy        684 CATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATG 743
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        776 CATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATG 835

Qy        744 AACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCAT 803
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        836 AACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCAT 895

Qy        804 TAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAG 863
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        896 TAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAG 955

Qy        864 GATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTA 923
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        956 GATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTA 1015

Qy        924 AAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAA 983
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1016 AAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAA 1075

Qy        984 CTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTC 1043
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1076 CTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTC 1135

Qy       1044 CTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATG 1103
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1136 CTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATG 1195

Qy       1104 GTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACAC 1163
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1196 GTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACAC 1255

Qy       1164 CACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCAC 1223
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1256 CACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCAC 1315

Qy       1224 GAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGC 1283
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1316 GAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGC 1375

Qy       1284 ATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAA 1343
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1376 ATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAA 1435

Qy       1344 AGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAAT 1403
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1436 AGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAAT 1495

Qy       1404 TCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGG 1463
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1496 TCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGG 1555

Qy       1464 TGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAG 1523
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1556 TGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAG 1615

Qy       1524 CTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTA 1583
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1616 CTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTA 1675

Qy       1584 ACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAAC 1643
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1676 ACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAAC 1735

Qy       1644 TCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTG 1703
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1736 TCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTG 1795

Qy       1704 CAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCA 1763
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1796 CAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCA 1855

Qy       1764 GAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGT 1823
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1856 GAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGT 1915

Qy       1824 CCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCC 1883
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Db       1916 CCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGNGGCC 1975

Qy       1884 TTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTA 1943
              |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1976 TTGTACCTTTGCACAATGCATGTTNTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTA 2035

Qy       1944 AACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAG 2003
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2036 AACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAG 2095

Qy       2004 CAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCA 2063
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Db       2096 CAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAA 2155

Qy       2064 AAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTC 2123
              ||||||| |   | ||||| | || |||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Db       2156 AAAAAAAAAAAAAAAAGGAAANATTCNTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGANACAGATATTC 2215

Qy       2124 AAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCA 2183
              ||||| |||||||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2216 AAGATNTGCTTAGGGGAGATGCAGTTTTGTTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCA 2275

Qy       2184 GAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATT 2243
              ||||||||||||| | || ||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db       2276 GAGTGAAGAAGTTNTNTTTTCCTGATAATGTAAATTGCCGNGATACCCAAGGCAGACATT 2335

Qy       2244 CAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTAC 2303
              ||||||||||||||||||||   |||
Db       2336 CAACACCTTTACATTTAGCA---GGTNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2392

Qy       2304 AACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAG 2363

Db       2393 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2452

Qy       2364 CATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATG 2423

Db       2453 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2512

Qy       2424 CCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGC 2483

Db       2513 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2572

Qy       2484 TTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAA 2543

Db       2573 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2632

Qy       2544 CACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCC 2603
                                                        ||||||||||||||||||
Db       2633 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNTGACAGCAGCCATGCCCC 2692

Qy       2604 CATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAG 2663
              |||||| ||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2693 CATCTGTTCTGCCCTCTTGTAACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAG 2752

Qy       2664 CCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCA 2723
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2753 CCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCA 2812

Qy       2724 GTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAA 2783
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2813 GTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAA 2872

Qy       2784 CAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTC 2843
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2873 CAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTC 2932

Qy       2844 AATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCA 2903
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Db       2933 AATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTNAGAGAGAACAGATCA 2992

Qy       2904 CTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTT 2963
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||
Db       2993 CTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGWATCAATGCTT 3052

Qy       2964 ATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTC 3023
              |||||||||||||||||||||||||| |  ||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3053 ATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAAGTTTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTC 3112

Qy       3024 TTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTC 3083
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3113 TTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTC 3172

Qy       3084 CTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACA 3143
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3173 CTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACA 3232

Qy       3144 GAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGG 3203
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3233 GAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGG 3292

Qy       3204 TTTGTAAC---------AAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTT 3254
              ||||||||         |     |    ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3293 TTTGTAACAGAGCCAAGATTCGGCACGAGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTT 3352

Qy       3255 CTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGA 3314
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3353 CTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGA 3412

Qy       3315 ATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAG 3374
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3413 ATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAG 3472

Qy       3375 CTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAG 3434
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3473 CTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAG 3532

Qy       3435 GAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGC 3494
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3533 GAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGC 3592

Qy       3495 TCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCAC 3554
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3593 TCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCAC 3652

Qy       3555 ATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAG 3614
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3653 ATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAG 3712

Qy       3615 CTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGA 3674
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3713 CTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGA 3772

Qy       3675 TTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACT 3734
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3773 TTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACT 3832

Qy       3735 GAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3833 GAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3892


RESULT 13
US-09-196-387-1
; Sequence 1, Application US/09196387
; Patent No. 6277613
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  de Lange, Titia
;    APPLICANT:  Smith, Susan
;    TITLE OF INVENTION:  A PROTEIN THAT BINDS TO TRF1 AND METHODS
;    TITLE OF INVENTION:  OF USE THEREOF
;    NUMBER OF SEQUENCES:  12
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
```

```
;      ADDRESSEE:  Klauber & Jackson
;      STREET:  411 Hackensack Avenue, 4th Floor
;      CITY:  Hackensack
;      STATE:  New Jersey
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  07601
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/09/196,387
;      FILING DATE:
;      CLASSIFICATION:
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  09/095,225
;      FILING DATE:  June 10, 1998
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Jackson Esq., David A.
;      REGISTRATION NUMBER:  26,742
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  600-1-230 CIP1
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  201-487-5800
;      TELEFAX:  201-343-1684
;      TELEX:  133521
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  1:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  4134 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  double
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  cDNA
;    HYPOTHETICAL:  NO
US-09-196-387-1

  Query Match            47.8%;  Score 1813.4;  DB 3;  Length 4134;
  Best Local Similarity  72.3%;  Pred. No. 0;
  Matches 2395;  Conservative    0;  Mismatches  891;  Indels   27;  Gaps    2;

Qy        383 TCCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAG 442
              || | |  ||  |    ||||||||||  |||| || || || ||| | || || |||
Db        657 TCTCCCCTGCACTTCGCTGCAGGTTTTGGAAGGAAGGATGTTGTAGAACACTTACTACAG 716

Qy        443 AATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGC 502
              |  ||||| | |||||| || |||||||||||| || || || || |||||||||| || 
Db        717 ATGGGTGCTAATGTCCACGCTCGTGATGATGGAGGTCTCATCCCGCTTCATAATGCCTGT 776

Qy        503 TCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCT 562
              |||||||| |||||||| || || | |||  | ||| | || || || || ||| ||||| 
Db        777 TCTTTTGGCCATGCTGAGGTTGTGAGTCTGTTATTGTGCCAAGGAGCTGATCCAAATGCC 836

Qy        563 CGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTT 622
               | ||||| ||||| ||||| ||||| |||||||||| ||||||||| ||||| ||||| 
Db        837 AGGGATAACTGGAACTATACACCTCTGCATGAAGCTGCTATTAAAGGGAAGATCGATGTG 896

Qy        623 TGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACA 682
              |||||||||||| | |||||| |||||||| |||| ||| || || || |||| |   ||
Db        897 TGCATTGTGCTGCTGCAGCACGGAGCTGACCCAAACATTCGGAACACTGATGGGAAATCA 956

Qy        683 GCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGAT 742
              ||  ||||  | |||||||| || || ||||| || |||||| |||||||| |||||||| 
Db        957 GCCCTGGACCTGGCAGATCCTTCAGCAAAAGCTGTCCTTACAGGTGAATACAAGAAAGAC 1016

Qy        743 GAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCA 802
              |||||| |||||  ||| |||||||| |||||||||||||  | |||||| |||| || || 
Db       1017 GAACTCCTAGAAGCTGCTAGGAGTGGTAATGAAGAAAAACTAATGGCTTTACTGACTCCT 1076

Qy        803 TTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCA 862
               ||||||| || ||||| ||||||||||||  ||||||| ||||| ||||| | ||||| 
Db       1077 CTAAATGTGAATTGCCATGCAAGTGATGGGCGAAAGTCGACTCCTTTACATCTAGCAGCG 1136

Qy        863 GGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCT 922
              || || ||||||||    || || |||||  | || || ||||| ||||||||| ||||| 
Db       1137 GGCTACAACAGAGTTCGAATAGTTCAGCTTCTTCTTCAGCATGGTGCTGATGTTCATGCA 1196

Qy        923 AAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTA 982
              ||||| |||||||  || || ||  | || ||||| ||||| ||||| ||||||||||||| 
Db       1197 AAAGACAAAGGTGGACTTGTGCCTCTTCATAATGCATGTTCATATGGACATTATGAAGTC 1256

Qy        983 ACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACT 1042
              || |||||  |  | |||||||| || |||||| ||||| |||||||  | ||||| || |||
Db       1257 ACAGAACTGCTACTAAAGCATGGAGCTTGTGTTAATGCCATGGATCTCTGGCAGTTTACT 1316

Qy       1043 CCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTAT 1102
              || || || ||||| ||||| |||||| | || ||||| || ||| |  |  | ||  ||
Db       1317 CCACTGCACGAGGCTGCTTCCAAGAACCGTGTAGAAGTCTGCTCTTTGTTACTTAGCCAT 1376

Qy       1103 GGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACA 1162
              || || || || ||  |  |||| || || ||   ||||||||| | ||  ||||||| || 
Db       1377 GGCGCTGATCCTACGTTAGTCAACTGCCATGGCAAAAGTGCTGTGGATATGGCTCCAACT 1436

Qy       1163 CCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCA 1222
              ||  || | |  || |||||  | |||||||||||||| || || || || ||||| || 
Db       1437 CCGGAGCTTAGGGAGAGATTGACTTATGAATTTAAAGGTCATTCTTTACTACAAGCAGCC 1496

Qy       1223 CGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAG 1282
               ||||||| ||  |  ||  | | ||||||   ||| |||||||||||  | |||||||| 
Db       1497 AGAGAAGCAGACTTAGCTAAAGTTAAAAAAACACTCGCTCTGGAAATCATTAATTTCAAA 1556

Qy       1283 CATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGA 1342
              || || ||  | |||||||||||| |||| |||||||  || ||||   |||||||| | 
Db       1557 CAACCGCAGTCTCATGAAACAGCACTGCACTGTGCTGTGGCCTCTCTGCATCCCAAACGT 1616

Qy       1343 AAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAA 1402
              || ||| |    ||| |||| || ||||||||||||||  | |||||||| | ||||||| 
Db       1617 AAACAAGTGACAGAATTGTTACTTAGAAAAGGAGCAAATGTTAATGAAAAAAATAAAGAT 1676

Qy       1403 TTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTG 1462
              ||| ||||||| ||||| || ||| | || | ||| ||||||||||||  | |||||  ||
Db       1677 TTCATGACTCCCCTGCATGTTGCAGCCGAAAGAGCCCATAATGATGTCATGGAAGTTCTG 1736

Qy       1463 GTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGA 1522
                 || ||||  || ||| | ||||| ||||| |  |||||||||||| || | || |||
Db       1737 CATAAGCATGGCGCCAAGATGAATGCACTGGACACCCTTGGTCAGACTGCTTTGCATAGA 1796

Qy       1523 GCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCT 1582
              || ||       || || || || |||||||||||| || ||||| || |||| || ||| || 
Db       1797 GCCGCCCTAGCAGGCCACCTGCAGACCTGCCGCCTCCTGCTGAGTTACGGCTCTGACCCC 1856

Qy       1583 AACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAA 1642
                ||| || ||| | || |||| || ||   |||||||||| ||||||   || ||||| 
Db       1857 TCCATCATCTCCTTACAAGGCTTCACAGCAGCACAGATGGGCAATGAAGCAGTGCAGCAG 1916

Qy       1643 CTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCT 1702
               | ||    ||| |||   |  || ||| | || || |  ||    | | |  | || || 
Db       1917 ATTCTGAGTGAGAGTACACCTATACGTACTTCTGATGTTGATTATCGACTCTTAGAGGCA 1976

Qy       1703 GCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGC 1762
               | || ||||||||  | ||||||| ||  |||| || |    ||| | ||| || || 
Db       1977 TCTAAAGCTGGAGACTTGGAAACTGTGAAGCAACTTTGCAGCTCTCAAAATGTGAATTGT 2036

Qy       1763 AGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTG 1822
              |||||| | || || || || || || ||  | || || ||||| || || ||| | |||
Db       2037 AGAGACTTAGAGGGCCGGCATTCCACGCCCTTACACTTCGCAGCAGGCTACAACCGCGTG 2096

Qy       1823 TCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGC 1882
              || || || || || |||||||| || || || ||||| |||| ||||| || || |||
Db       2097 TCTGTTGTAGAGTACCTGCTACACCACGGTGCCGATGTCCATGCCAAAGACAAGGGTGGC 2156

Qy       1883 CTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTT 1942
               | || ||  | || ||||| ||||| |||||||| ||||| || || || ||| | || 
Db       2157 TTGGTGCCCCTTCATAATGCCTGTTCATATGGACACTATGAGGTGGCTGAGCTTTTAGTA 2216

Qy       1943 AAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCA 2002
              |  ||||| ||    || ||||| || || |||||||||||||| ||| | |||||||||
Db        2217 AGGCATGGGGCTTCTGTCAATGTGGCGGACTTATGGAAATTTACCCCTCTCCATGAAGCA 2276

Qy        2003 GCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACC 2062
               ||||| |||||||| |||||||| ||||| || ||  |  | ||||| ||||| || ||
Db        2277 GCAGCTAAAGGAAAGTATGAAATCTGCAAGCTCCTTTTAAAACATGGAGCAGATCCAACT 2336

Qy        2063 AAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATT 2122
               ||||| ||||| ||||||||||| ||||||||| | || || || ||||| |||||||||
Db        2337 AAAAAGAACAGAGATGGAAATACACCTTTGGATTTGGTAAAGGAAGGAGACACAGATATT 2396

Qy        2123 CAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCC 2182
               || ||  | || |  || ||||| |||||| | ||||||||||||||||| ||  | ||
Db        2397 CAGGACTTACTGAAAGGGGATGCTGCTTTGTTGGATGCTGCCAAGAAGGGCTGCCTGGCA 2456

Qy        2183 AGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACAT 2242
               |||||| ||||| | | | | || || ||| | || ||| | || ||||| |||||| ||
Db        2457 AGAGTGCAGAAGCTCTGTACCCCAGAGAATATCAACTGCAGAGACACCCAGGGCAGAAAT 2516

Qy        2243 TCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTA 2302
               ||||| ||| | ||  | ||||| || ||||||||  | ||||| || || ||| |  ||
Db        2517 TCAACCCCTCTGCACCTGGCAGCAGGCTATAATAACCTGGAAGTAGCTGAATATCTTCTA 2576

Qy        2303 CAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCA 2362
                | ||||||||||| |||||||| ||||| || ||  | |||||| | ||||||||
Db        2577 GAGCATGGAGCTGATGTTAATGCCCAGGACAAGGGTGGTTTAATTCCTCTTCATAATGCG 2636

Qy        2363 GCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAAT 2422
               |||||||| |||||||| ||  |||| ||| || | ||||| || ||  | ||||| |||
Db        2637 GCATCTTATGGGCATGTTGACATAGCGGCTTTATTGATAAAATACAACACGTGTGTAAAT 2696

Qy        2423 GCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAG 2482
               || || || || ||||| || || ||  | || ||||||||||| || ||| | || |||
Db        2697 GCAACAGATAAGTGGGCGTTTACTCCCCTCCATGAAGCAGCCCAGAAAGGAAGGACGCAG 2756

Qy        2483 CTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAA 2542
               || || ||  |  | ||||| ||||| || ||||| ||  | || || |||||||| ||
Db        2757 CTGTGCGCCCTCCTCCTAGCGCATGGTGCAGACCCCACCATGAAGAACCAGGAAGGCCAG 2816

Qy        2543 ACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCC 2602
               || ||| | ||| | |   |||| || ||| |||| ||| | |||| ||  |||||||||
Db        2817 ACGCCTCTGGATCTGGCAACAGCTGACGATATCAGAGCTTTGCTGATAGATGCCATGCCC 2876

Qy        2603 CCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGA 2662
               |||   ||  | ||  | ||||  || ||||| |                     |
Db        2877 CCAGAGGCCTTACCTACCTGTTTTAAACCTCAGG---------------------CTACT 2915

Qy        2663 GCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGC 2722
               |        |   ||||    |||    |||| | ||| ||  |||| || || ||||||
Db        2916 GTAGTGAGTGCCTCTCTGATCTCACCAGCATCCACCCCCTCCTGCCTCTCGGCTGCCAGC 2975

Qy        2723 AGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGA 2782
               ||  | |||||| |  ||||   |||  ||||  || |   || ||     || | || |
Db        2976 AGCATAGACAACCTCACTGGCCCTTTAGCAGAGTTGGCCGTAGGAGGAGCCTCCAATGCA 3035

Qy        2783 ACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAG------GAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGC 2836
                  || || ||  |  |    || |  |||      || ||| | ||  | ||  | |
Db        3036 GGGGATGGCGCCGCGGGAACAGAAAGGAAGGAAGGAGAAGTTGCTGGTCTTGACATGAAT 3095

Qy        2837 ATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAA 2896
               || |  |||||  |||  |  ||||| ||||| |||||   |||||| ||||| | ||||
Db        3096 ATCAGCCAATTTCTAAAAAGCCTTGGCCTTGAACACCTTCGGGATATCTTTGAAACAGAA 3155

Qy        2897 CAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATC 2956
               ||||| ||  | ||||| || | ||| ||||| ||  | ||| |||| || || || |||
Db        3156 CAGATTACACTAGATGTGTTGGCTGATATGGGTCATGAAGAGTTGAAAGAAATAGGCATC 3215

Qy        2957 AATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAA 3016
               ||||| ||||| ||  | |||||| |||| |||||||| || |||||  |    ||||||
Db        3216 AATGCATATGGGCACCGCCACAAATTAATCAAAGGAGTAGAAAGACTCTTAGGTGGACAA 3275

Qy        3017 CAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGAT 3076
               |||||    || || ||||| |||||  ||     |  |   ||||| ||| |  | |||
Db        3276 CAAGGCACCAATCCTTATTTGACTTTTCACTGTGTTAATCAGGGAACGATTTTGCTGGAT 3335

Qy        3077 CTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGA 3136
               ||  |||| || |||||||| | |||||| ||||| |||||||||||||||||  |||||
Db        3336 CTTGCTCCAGAAGATAAAGAATATCAGTCAGTGGAAGAAGAGATGCAAAGTACTATTCGA 3395

Qy        3137 GAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATT 3196
               || ||||||||||| ||| |||| || || |||||||||||||||||| |  |    |||
Db        3396 GAACACAGAGATGGTGGTAATGCTGGCGGCATCTTCAACAGATACAATGTCATTCGAATT 3455

Qy        3197 CAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCT 3256
               || || |||   ||||||||  |  ||||  | | |   |||||    || ||||| |||
Db        3456 CAAAAAGTTGTCAACAAGAAGTTGAGGGAGCGGTTCTGCCACCGACAGAAGGAAGTGTCT 3515

Qy        3257 GAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAAT 3316
               || || || |||||||||  |||||| || ||| | |||||||| ||||||||  | |||
Db        3516 GAGGAGAATCACAACCATCACAATGAGCGCATGTTGTTTCATGGTTCTCCTTTCATTAAT 3575

Qy        3317 GCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCT 3376
               || ||||| || ||||| ||||||||  | ||||| |||||||| || |||||||| ||
Db        3576 GCCATTATTCATAAAGGGTTTGATGAGCGACATGCATACATAGGAGGAATGTTTGGGGCC 3635

Qy        3377 GGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGA 3436
               || |||||||||||||||||||| || |||||||| |||||||| |||||||||||||||
Db        3636 GGGATTTATTTTGCTGAAAACTCCTCAAAAAGCAACCAATATGTTTATGGAATTGGAGGA 3695

Qy        3437 GGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTC 3496
               || || || || ||    ||||| ||||| || || || || || ||||| ||  |||||
Db        3696 GGAACAGGCTGCCCTACACACAAGGACAGGTCATGCTATATATGTCACAGACAAATGCTC 3755

Qy        3497 TTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACAT 3556
               || ||  | || ||| | || || || || |||||||| ||  | ||||||||||| ||
Db        3756 TTCTGTAGAGTGACCCTTGGGAAATCCTTTCTGCAGTTTAGCACCATGAAAATGGCCCAC 3815

Qy        3557 TCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCT 3616
                | |||||||| || |||||||||| |||||| || || || ||||| || ||||  |||
Db        3816 GCGCCTCCAGGGCACCACTCAGTCATTGGTAGACCGAGCGTCAATGGGCTGGCATATGCT 3875

Qy        3617 GAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATT 3676
               |||||||| || ||||||||||||||||| || || |||||| | || |||||||||||
Db        3876 GAATATGTCATCTACAGAGGAGAACAGGCATACCCAGAGTATCTTATCACTTACCAGATC 3935

Qy        3677 ATGAGGCCTGAAG 3689
               |||| ||| ||||
Db        3936 ATGAAGCCAGAAG 3948
```

```
RESULT 14
US-09-841-835-1
; Sequence 1, Application US/09841835
; Patent No. 6506587
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  de Lange, Titia
;    APPLICANT:  Smith, Susan
;    TITLE OF INVENTION:  A PROTEIN THAT BINDS TO TRF1 AND METHODS
;    TITLE OF INVENTION:  OF USE THEREOF
;    NUMBER OF SEQUENCES:  12
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Klauber & Jackson
;      STREET:  411 Hackensack Avenue, 4th Floor
;      CITY:  Hackensack
;      STATE:  New Jersey
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  07601
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/09/841,835
;      FILING DATE:
;      CLASSIFICATION:
;    PRIOR APPLICATION DATA:
```

```
;     APPLICATION NUMBER:  09/196,387
;     FILING DATE:
;   ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;     NAME:  Jackson Esq., David A.
;     REGISTRATION NUMBER:  26,742
;     REFERENCE/DOCKET NUMBER:  600-1-230 CIP1
;   TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;     TELEPHONE:  201-487-5800
;     TELEFAX:  201-343-1684
;     TELEX:  133521
; INFORMATION FOR SEQ ID NO:  1:
;   SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;     LENGTH:  4134 base pairs
;     TYPE:  nucleic acid
;     STRANDEDNESS:  double
;     TOPOLOGY:  linear
;   MOLECULE TYPE:  cDNA
;   HYPOTHETICAL:  NO
US-09-841-835-1

  Query Match             47.8%;  Score 1813.4;  DB 3;  Length 4134;
  Best Local Similarity   72.3%;  Pred. No. 0;
  Matches 2395;  Conservative    0;  Mismatches  891;  Indels   27;  Gaps    2;

Qy        383 TCCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAG 442

Db        657 TCTCCCCTGCACTTCGCTGCAGGTTTTGGAAGGAAGGATGTTGTAGAACACTTACTACAG 716

Qy        443 AATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGC 502

Db        717 ATGGGTGCTAATGTCCACGCTCGTGATGATGGAGGTCTCATCCCGCTTCATAATGCCTGT 776

Qy        503 TCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCT 562

Db        777 TCTTTTGGCCATGCTGAGGTTGTGAGTCTGTTATTGTGCCAAGGAGCTGATCCAAATGCC 836

Qy        563 CGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTT 622

Db        837 AGGGATAACTGGAACTATACACCTCTGCATGAAGCTGCTATTAAAGGGAAGATCGATGTG 896

Qy        623 TGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACA 682

Db        897 TGCATTGTGCTGCTGCAGCACGGAGCTGACCCAAACATTCGGAACACTGATGGGAAATCA 956

Qy        683 GCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGAT 742

Db        957 GCCCTGGACCTGGCAGATCCTTCAGCAAAAGCTGTCCTTACAGGTGAATACAAGAAAGAC 1016

Qy        743 GAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCA 802

Db       1017 GAACTCCTAGAAGCTGCTAGGAGTGGTAATGAAGAAAAACTAATGGCTTTACTGACTCCT 1076

Qy        803 TTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCA 862

Db       1077 CTAAATGTGAATTGCCATGCAAGTGATGGGCGAAAGTCGACTCCTTTACATCTAGCAGCG 1136

Qy        863 GGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCT 922

Db       1137 GGCTACAACAGAGTTCGAATAGTTCAGCTTCTTCTTCAGCATGGTGCTGATGTTCATGCA 1196

Qy        923 AAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTA 982

Db       1197 AAAGACAAAGGTGGACTTGTGCCTCTTCATAATGCATGTTCATATGGACATTATGAAGTC 1256

Qy        983 ACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACT 1042

Db       1257 ACAGAACTGCTACTAAAGCATGGAGCTTGTGTTAATGCCATGGATCTCTGGCAGTTTACT 1316

Qy       1043 CCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTAT 1102

Db       1317 CCACTGCACGAGGCTGCTTCCAAGAACCGTGTAGAAGTCTGCTCTTTGTTACTTAGCCAT 1376

Qy       1103 GGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACA 1162


Db       1377 GGCGCTGATCCTACGTTAGTCAACTGCCATGGCAAAAGTGCTGTGGATATGGCTCCAACT 1436

Qy       1163 CCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCA 1222

Db       1437 CCGGAGCTTAGGGAGAGATTGACTTATGAATTTAAAGGTCATTCTTTACTACAAGCAGCC 1496

Qy       1223 CGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAG 1282

Db       1497 AGAGAAGCAGACTTAGCTAAAGTTAAAAAAACACTCGCTCTGGAAATCATTAATTTCAAA 1556

Qy       1283 CATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGA 1342

Db       1557 CAACCGCAGTCTCATGAAACAGCACTGCACTGTGCTGTGGCCTCTCTGCATCCCAAACGT 1616

Qy       1343 AAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAA 1402

Db       1617 AAACAAGTGACAGAATTGTTACTTAGAAAAGGAGCAAATGTTAATGAAAAAAATAAAGAT 1676

Qy       1403 TTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTG 1462

Db       1677 TTCATGACTCCCCTGCATGTTGCAGCCGAAAGAGCCCATAATGATGTCATGGAAGTTCTG 1736

Qy       1463 GTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGA 1522

Db       1737 CATAAGCATGGCGCCAAGATGAATGCACTGGACACCCTTGGTCAGACTGCTTTGCATAGA 1796

Qy       1523 GCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCT 1582

Db       1797 GCCGCCCTAGCAGGCCACCTGCAGACCTGCCGCCTCCTGCTGAGTTACGGCTCTGACCCC 1856

Qy       1583 AACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAA 1642

Db       1857 TCCATCATCTCCTTACAAGGCTTCACAGCAGCACAGATGGGCAATGAAGCAGTGCAGCAG 1916

Qy       1643 CTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCT 1702

Db       1917 ATTCTGAGTGAGAGTACACCTATACGTACTTCTGATGTTGATTATCGACTCTTAGAGGCA 1976

Qy       1703 GCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGC 1762

Db       1977 TCTAAAGCTGGAGACTTGGAAACTGTGAAGCAACTTTGCAGCTCTCAAAATGTGAATTGT 2036

Qy       1763 AGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTG 1822

Db       2037 AGAGACTTAGAGGGCCGGCATTCCACGCCCTTACACTTCGCAGCAGGCTACAACCGCGTG 2096

Qy       1823 TCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGC 1882

Db       2097 TCTGTTGTAGAGTACCTGCTACACCACGGTGCCGATGTCCATGCCAAAGACAAGGGTGGC 2156

Qy       1883 CTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTT 1942

Db       2157 TTGGTGCCCCTTCATAATGCCTGTTCATATGGACACTATGAGGTGGCTGAGCTTTTAGTA 2216

Qy       1943 AAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCA 2002

Db       2217 AGGCATGGGGCTTCTGTCAATGTGGCGGACTTATGGAAATTTACCCCTCTCCATGAAGCA 2276

Qy       2003 GCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACC 2062

Db       2277 GCAGCTAAAGGAAAGTATGAAATCTGCAAGCTCCTTTTAAAACATGGAGCAGATCCAACT 2336

Qy       2063 AAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATT 2122

Db       2337 AAAAAGAACAGAGATGGAAATACACCTTTGGATTTGGTAAAGGAAGGAGACACAGATATT 2396

Qy       2123 CAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCC 2182

Db       2397 CAGGACTTACTGAAAGGGGATGCTGCTTTGTTGGATGCTGCCAAGAAGGGCTGCCTGGCA 2456

Qy       2183 AGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACAT 2242
```

```
Db       2457 AGAGTGCAGAAGCTCTGTACCCCAGAGAATATCAACTGCAGAGACACCCAGGGCAGAAAT 2516

Qy       2243 TCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTA 2302

Db       2517 TCAACCCCTCTGCACCTGGCAGCAGGCTATAATAACCTGGAAGTAGCTGAATATCTTCTA 2576

Qy       2303 CAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCA 2362

Db       2577 GAGCATGGAGCTGATGTTAATGCCCAGGACAAGGGTGGTTTAATTCCTCTTCATAATGCG 2636

Qy       2363 GCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAAT 2422

Db       2637 GCATCTTATGGGCATGTTGACATAGCGGCTTTATTGATAAAATACAACACGTGTGTAAAT 2696

Qy       2423 GCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAG 2482

Db       2697 GCAACAGATAAGTGGGCGTTTACTCCCCTCCATGAAGCAGCCCAGAAAGGAAGGACGCAG 2756

Qy       2483 CTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAA 2542

Db       2757 CTGTGCGCCCTCCTCCTAGCGCATGGTGCAGACCCCACCATGAAGAACCAGGAAGGCCAG 2816

Qy       2543 ACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCC 2602

Db       2817 ACGCCTCTGGATCTGGCAACAGCTGACGATATCAGAGCTTTGCTGATAGATGCCATGCCC 2876

Qy       2603 CCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGA 2662

Db       2877 CCAGAGGCCTTACCTACCTGTTTTAAACCTCAGG--------------------CTACT 2915

Qy       2663 GCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGC 2722

Db       2916 GTAGTGAGTGCCTCTCTGATCTCACCAGCATCCACCCCCTCCTGCCTCTCGGCTGCCAGC 2975

Qy       2723 AGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGA 2782

Db       2976 AGCATAGACAACCTCACTGGCCCTTTAGCAGAGTTGGCCGTAGGAGGAGCCTCCAATGCA 3035

Qy       2783 ACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAG------GAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGC 2836

Db       3036 GGGGATGGCGCCGCGGGAACAGAAAGGAAGGAAGGAGAAGTTGCTGGTCTTGACATGAAT 3095

Qy       2837 ATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAA 2896

Db       3096 ATCAGCCAATTTCTAAAAAGCCTTGGCCTTGAACACCTTCGGGATATCTTTGAAACAGAA 3155

Qy       2897 CAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATC 2956

Db       3156 CAGATTACACTAGATGTGTTGGCTGATATGGGTCATGAAGAGTTGAAAGAAATAGGCATC 3215

Qy       2957 AATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAA 3016

Db       3216 AATGCATATGGGCACCGCCACAAATTAATCAAAGGAGTAGAAAGACTCTTAGGTGGACAA 3275

Qy       3017 CAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGAT 3076

Db       3276 CAAGGCACCAATCCTTATTTGACTTTTCACTGTGTTAATCAGGGAACGATTTTGCTGGAT 3335

Qy       3077 CTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGA 3136

Db       3336 CTTGCTCCAGAAGATAAAGAATATCAGTCAGTGGAAGAAGAGATGCAAAGTACTATTCGA 3395

Qy       3137 GAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATT 3196

Db       3396 GAACACAGAGATGGTGGTAATGCTGGCGGCATCTTCAACAGATACAATGTCATTCGAATT 3455

Qy       3197 CAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCT 3256

Db       3456 CAAAAAGTTGTCAACAAGAAGTTGAGGGAGCGGTTCTGCCACCGACAGAAGGAAGTGTCT 3515

Qy       3257 GAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAAT 3316

Db       3516 GAGGAGAATCACAACCATCACAATGAGCGCATGTTGTTTCATGGTTCTCCTTTCATTAAT 3575

Qy       3317 GCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCT 3376

Db       3576 GCCATTATTCATAAAGGGTTTGATGAGCGACATGCATACATAGGAGGAATGTTTGGGGCC 3635

Qy       3377 GGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGA 3436

Db       3636 GGGATTTATTTTGCTGAAAACTCCTCAAAAAGCAACCAATATGTTTATGGAATTGGAGGA 3695

Qy       3437 GGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTC 3496

Db       3696 GGAACAGGCTGCCCTACACACAAGGACAGGTCATGCTATATATGTCACAGACAAATGCTC 3755

Qy       3497 TTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACAT 3556

Db       3756 TTCTGTAGAGTGACCCTTGGGAAATCCTTTCTGCAGTTTAGCACCATGAAAATGGCCCAC 3815

Qy       3557 TCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCT 3616

Db       3816 GCGCCTCCAGGGCACCACTCAGTCATTGGTAGACCGAGCGTCAATGGGCTGGCATATGCT 3875

Qy       3617 GAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATT 3676

Db       3876 GAATATGTCATCTACAGAGGAGAACAGGCATACCCAGAGTATCTTATCACTTACCAGATC 3935

Qy       3677 ATGAGGCCTGAAG 3689

Db       3936 ATGAAGCCAGAAG 3948


RESULT 15
US-09-972-115A-7
; Sequence 7, Application US/09972115A
; Patent No. 6599728
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:  Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 7
;   LENGTH: 4134
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-972-115A-7

  Query Match             47.8%;  Score 1813.4;  DB 3;  Length 4134;
  Best Local Similarity   72.3%;  Pred. No. 0;
  Matches 2395;  Conservative    0;  Mismatches  891;  Indels   27;  Gaps    2;

Qy        383 TCCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAG 442

Db        657 TCTCCCCTGCACTTCGCTGCAGGTTTTGGAAGGAAGGATGTTGTAGAACACTTACTACAG 716

Qy        443 AATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGC 502

Db        717 ATGGGTGCTAATGTCCACGCTCGTGATGATGGAGGTCTCATCCCGCTTCATAATGCCTGT 776

Qy        503 TCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCT 562

Db        777 TCTTTTGGCCATGCTGAGGTTGTGAGTCTGTTATTGTGCCAAGGAGCTGATCCAAATGCC 836

Qy        563 CGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTT 622
```

```
Db    837 AGGGATAACTGGAACTATACACCTCTGCATGAAGCTGCTATTAAAGGGAAGATCGATGTG 896

Qy    623 TGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACA 682
          |||||||||||| | ||||| |||||||| |||| ||| || || || ||| |   ||
Db    897 TGCATTGTGCTGCTGCAGCACGGAGCTGACCCAAACATTCGGAACACTGATGGGAAATCA 956

Qy    683 GCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGAT 742
          ||  ||||  | |||||||| || || ||||| || |||| ||||||||| ||||||||
Db    957 GCCCTGGACCTGGCAGATCCTTCAGCAAAAGCTGTCCTTACAGGTGAATACAAGAAAGAC 1016

Qy    743 GAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCA 802
          |||||| |||||  ||| |||||||| ||||||||||||| | |||||| |||| || ||
Db   1017 GAACTCCTAGAAGCTGCTAGGAGTGGTAATGAAGAAAAACTAATGGCTTTACTGACTCCT 1076

Qy    803 TTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCA 862
           ||||||| || ||||| ||||||||||||  ||||||| ||||| |||||| | |||||
Db   1077 CTAAATGTGAATTGCCATGCAAGTGATGGGCGAAAGTCGACTCCTTTACATCTAGCAGCG 1136

Qy    863 GGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCT 922
          || || ||||||||    || || |||||  | || || ||||| |||||||| |||||
Db   1137 GGCTACAACAGAGTTCGAATAGTTCAGCTTCTTCTTCAGCATGGTGCTGATGTTCATGCA 1196

Qy    923 AAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTA 982
          ||||| |||||||  || || ||  | || ||||| ||||| | ||||| |||||||||||
Db   1197 AAAGACAAAGGTGGACTTGTGCCTCTTCATAATGCATGTTCATATGGACATTATGAAGTC 1256

Qy    983 ACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACT 1042
          || |||||  |  | |||||||| || |||| ||||| |||||||  | ||||| || |||
Db   1257 ACAGAACTGCTACTAAAGCATGGAGCTTGTGTTAATGCCATGGATCTCTGGCAGTTTACT 1316

Qy   1043 CCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTAT 1102
          || || || ||||| ||||| |||||| | || ||||| || ||| |  |  | ||  ||
Db   1317 CCACTGCACGAGGCTGCTTCCAAGAACCGTGTAGAAGTCTGCTCTTTGTTACTTAGCCAT 1376

Qy   1103 GGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACA 1162
          || || || || ||  |  |||| || ||    ||||||||| | ||  ||||||| ||
Db   1377 GGCGCTGATCCTACGTTAGTCAACTGCCATGGCAAAAGTGCTGTGGATATGGCTCCAACT 1436

Qy   1163 CCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCA 1222
          ||  || | |  || |||||  | |||||||||||||||| || || || ||||| ||
Db   1437 CCGGAGCTTAGGGAGAGATTGACTTATGAATTTAAAGGTCATTCTTTACTACAAGCAGCC 1496

Qy   1223 CGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAG 1282
           ||||||| ||  |  ||  | | ||||||   ||| |||||||||||  | ||||||||
Db   1497 AGAGAAGCAGACTTAGCTAAAGTTAAAAAAACACTCGCTCTGGAAATCATTAATTTCAAA 1556

Qy   1283 CATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGA 1342
          || || ||  | |||||||||||||| |||| |||||||  || ||||   ||||||| |
Db   1557 CAACCGCAGTCTCATGAAACAGCACTGCACTGTGCTGTGGCCTCTCTGCATCCCAAACGT 1616

Qy   1343 AAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAA 1402
          || ||| |    ||| |||| || ||||||||||||||  | |||||||| | ||||||
Db   1617 AAACAAGTGACAGAATTGTTACTTAGAAAAGGAGCAAATGTTAATGAAAAAAATAAAGAT 1676

Qy   1403 TTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTG 1462
          ||| ||||||| ||||| ||  ||| | || | ||| ||||||||||||  | |||||  ||
Db   1677 TTCATGACTCCCCTGCATGTTGCAGCCGAAAGAGCCCATAATGATGTCATGGAAGTTCTG 1736

Qy   1463 GTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGA 1522
             || ||||  || ||| | ||||| |||| |||  |||||||||||| || | || |||
Db   1737 CATAAGCATGGCGCCAAGATGAATGCACTGGACACCCTTGGTCAGACTGCTTTGCATAGA 1796

Qy   1523 GCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCT 1582
          || ||       || || || || |||||||||||| || ||||| || || | ||| ||
Db   1797 GCCGCCCTAGCAGGCCACCTGCAGACCTGCCGCCTCCTGCTGAGTTACGGCTCTGACCCC 1856

Qy   1583 AACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAA 1642
            ||| || ||| | || ||| ||| || ||   |||||||||| ||||||   || |||||
Db   1857 TCCATCATCTCCTTACAAGGCTTCACAGCAGCACAGATGGGCAATGAAGCAGTGCAGCAG 1916

Qy   1643 CTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCT 1702
           | ||    ||| |||   |  || ||| ||| || |  ||    | | |  | || ||
Db   1917 ATTCTGAGTGAGAGTACACCTATACGTACTTCTGATGTTGATTATCGACTCTTAGAGGCA 1976

Qy   1703 GCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGC 1762
           | || ||||||||  | |||||||| ||  |||| || |    ||| | ||| || ||
Db   1977 TCTAAAGCTGGAGACTTGGAAACTGTGAAGCAACTTTGCAGCTCTCAAAATGTGAATTGT 2036

Qy   1763 AGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTG 1822
          |||||| | || || || || || ||  | || || ||||| || || ||| | |||
Db   2037 AGAGACTTAGAGGGCCGGCATTCCACGCCCTTACACTTCGCAGCAGGCTACAACCGCGTG 2096

Qy   1823 TCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGC 1882
          || || || || || ||||||||| || || || ||||| |||| ||||| || || |||
Db   2097 TCTGTTGTAGAGTACCTGCTACACCACGGTGCCGATGTCCATGCCAAAGACAAGGGTGGC 2156

Qy   1883 CTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTT 1942
           | || ||  | || ||||| ||||| ||||||||| ||||| || || || ||| | ||
Db   2157 TTGGTGCCCCTTCATAATGCCTGTTCATATGGACACTATGAGGTGGCTGAGCTTTTAGTA 2216

Qy   1943 AAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCA 2002
          |  ||||| ||    || ||||| || || |||||||||||||||| ||| | |||||||||
Db   2217 AGGCATGGGGCTTCTGTCAATGTGGCGGACTTATGGAAATTTACCCCTCTCCATGAAGCA 2276

Qy   2003 GCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACC 2062
          ||||| |||||||| |||||||| ||||| || ||  |  | ||||| ||||| || ||
Db   2277 GCAGCTAAAGGAAAGTATGAAATCTGCAAGCTCCTTTTAAAACATGGAGCAGATCCAACT 2336

Qy   2063 AAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATT 2122
          ||||| ||||| |||||||||||| |||||||| | || || || ||||| |||||||||
Db   2337 AAAAAGAACAGAGATGGAAATACACCTTTGGATTTGGTAAAGGAAGGAGACACAGATATT 2396

Qy   2123 CAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCC 2182
          || ||  | || |  || |||||| ||||||  | |||||||||||||||||| ||  | ||
Db   2397 CAGGACTTACTGAAAGGGGATGCTGCTTTGTTGGATGCTGCCAAGAAGGGCTGCCTGGCA 2456

Qy   2183 AGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACAT 2242
          |||||| |||||| | | | | || || ||| | || ||| | || ||||| |||||| ||
Db   2457 AGAGTGCAGAAGCTCTGTACCCCAGAGAATATCAACTGCAGAGACACCCAGGGCAGAAAT 2516

Qy   2243 TCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTA 2302
          ||||| ||| | ||  | ||||| || |||||||  | |||| || || ||| |  ||
Db   2517 TCAACCCCTCTGCACCTGGCAGCAGGCTATAATAACCTGGAAGTAGCTGAATATCTTCTA 2576

Qy   2303 CAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCA 2362
           | || |||||||||||| |||||| ||||| || ||  | |||||| | ||||||||
Db   2577 GAGCATGGAGCTGATGTTAATGCCCAGGACAAGGGTGGTTTAATTCCTCTTCATAATGCG 2636

Qy   2363 GCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAAT 2422
          |||||||| |||||||| ||  |||| ||| ||  |  ||| || ||  | ||||| |||
Db   2637 GCATCTTATGGGCATGTTGACATAGCGGCTTTATTGATAAAATACAACACGTGTGTAAAT 2696

Qy   2423 GCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAG 2482
          || || || || ||||| ||  || ||  | || |||||||||||| || || | || |||
Db   2697 GCAACAGATAAGTGGGCGTTTACTCCCCTCCATGAAGCAGCCCAGAAAGGAAGGACGCAG 2756

Qy   2483 CTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAA 2542
          || || ||  |  | ||||| ||||| || ||||| ||  | ||| | ||||||||| ||
Db   2757 CTGTGCGCCCTCCTCCTAGCGCATGGTGCAGACCCCACCATGAAGAACCAGGAAGGCCAG 2816

Qy   2543 ACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCC 2602
          || ||| | ||| | |   |||| || ||| |||| ||| | |||| ||  |||||||||
Db   2817 ACGCCTCTGGATCTGGCAACAGCTGACGATATCAGAGCTTTGCTGATAGATGCCATGCCC 2876

Qy   2603 CCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGA 2662
          |||   ||  | ||  | ||||  || ||||||| |                      |
Db   2877 CCAGAGGCCTTACCTACCTGTTTTAAACCTCAGG---------------------CTACT 2915

Qy   2663 GCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGC 2722
          |        |   ||||     |||    |||| | ||| ||  |||| || || ||||||
Db   2916 GTAGTGAGTGCCTCTCTGATCTCACCAGCATCCACCCCCTCCTGCCTCTCGGCTGCCAGC 2975

Qy   2723 AGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGA 2782
          ||  | |||||| |  ||||   |||  ||||  || |   || ||     || | || |
Db   2976 AGCATAGACAACCTCACTGGCCCTTTAGCAGAGTTGGCCGTAGGAGGAGCCTCCAATGCA 3035
```

```
Qy        2783 ACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAG------GAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGC 2836
                  || || ||  |  |    || |  |||      || ||| | ||  | ||  | |
Db        3036 GGGGATGGCGCCGCGGGAACAGAAAGGAAGGAAGGAGAAGTTGCTGGTCTTGACATGAAT 3095

Qy        2837 ATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAA 2896
               || |  |||||  |||  |  ||||| ||||| |||||   |||||| ||||| | ||||
Db        3096 ATCAGCCAATTTCTAAAAAGCCTTGGCCTTGAACACCTTCGGGATATCTTTGAAACAGAA 3155

Qy        2897 CAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATC 2956
               ||||| ||  | ||||| || | ||| |||||| ||  | |||| |||| || || || |||
Db        3156 CAGATTACACTAGATGTGTTGGCTGATATGGGTCATGAAGAGTTGAAAGAAATAGGCATC 3215

Qy        2957 AATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAA 3016
               ||||| ||||| ||  | ||||| |||| |||||||| || |||||  |    ||||||
Db        3216 AATGCATATGGGCACCGCCACAAATTAATCAAAGGAGTAGAAAGACTCTTAGGTGGACAA 3275

Qy        3017 CAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGAT 3076
               |||||    || || ||||| |||||  ||     |  |   ||||| ||| |  | |||
Db        3276 CAAGGCACCAATCCTTATTTGACTTTTCACTGTGTTAATCAGGGAACGATTTTGCTGGAT 3335

Qy        3077 CTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGA 3136
               ||  |||| || |||||||| | |||||| ||||| |||||||||||||||||  |||||
Db        3336 CTTGCTCCAGAAGATAAAGAATATCAGTCAGTGGAAGAAGAGATGCAAAGTACTATTCGA 3395

Qy        3137 GAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATT 3196
               || ||||||||||||| ||| |||| || || |||||||||||||||||| |  |    |||
Db        3396 GAACACAGAGATGGTGGTAATGCTGGCGGCATCTTCAACAGATACAATGTCATTCGAATT 3455

Qy        3197 CAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCT 3256
               || || |||   ||||||||  |  ||||  | | |   ||||||    || ||||| |||
Db        3456 CAAAAAGTTGTCAACAAGAAGTTGAGGGAGCGGTTCTGCCACCGACAGAAGGAAGTGTCT 3515

Qy        3257 GAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAAT 3316
               || || || |||||||||  |||||| || ||| | |||||||| ||||||||  | |||
Db        3516 GAGGAGAATCACAACCATCACAATGAGCGCATGTTGTTTCATGGTTCTCCTTTCATTAAT 3575

Qy        3317 GCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCT 3376
               || ||||| || ||||| ||||||||  |  ||||| |||||||| || |||||| ||
Db        3576 GCCATTATTCATAAAGGGTTTGATGAGCGACATGCATACATAGGAGGAATGTTTGGGGCC 3635

Qy        3377 GGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGA 3436
               || ||||||||||||||||||||| || |||||||| |||||||| |||||||||||||||
Db        3636 GGGATTTATTTTGCTGAAAACTCCTCAAAAAGCAACCAATATGTTTATGGAATTGGAGGA 3695

Qy        3437 GGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTC 3496
               || || || || ||    ||||| ||||| || || || || || |||||  ||  |||||
Db        3696 GGAACAGGCTGCCCTACACACAAGGACAGGTCATGCTATATATGTCACAGACAAATGCTC 3755

Qy        3497 TTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACAT 3556
               || ||  | || ||| | || || || || |||||||| ||  | |||||||||||| ||
Db        3756 TTCTGTAGAGTGACCCTTGGGAAATCCTTTCTGCAGTTTAGCACCATGAAAATGGCCCAC 3815

Qy        3557 TCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCT 3616
                | |||||||| || |||||||||| |||||| || || || ||||| || ||||  |||
Db        3816 GCGCCTCCAGGGCACCACTCAGTCATTGGTAGACCGAGCGTCAATGGGCTGGCATATGCT 3875

Qy        3617 GAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATT 3676
               |||||||| || ||||||||||||||||| || || |||||| | || |||||||||||
Db        3876 GAATATGTCATCTACAGAGGAGAACAGGCATACCCAGAGTATCTTATCACTTACCAGATC 3935

Qy        3677 ATGAGGCCTGAAG 3689
               |||| ||| ||||
Db        3936 ATGAAGCCAGAAG 3948

Search completed: December 18, 2006, 16:38:15
Job time : 662.368 secs
```

```
                    GenCore version 5.1.9
         Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.


OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on:         December 18, 2006, 17:00:29 ; Search time 3854.36 Seconds
                                              (without alignments)
                                              12104.784 Million cell updates/sec

Title:          US-10-616-101-1
Perfect score:  3797
Sequence:       1 ctttgaagacactggatttc..........cctttgctgaaaaaaaaaa 3797

Scoring table:  IDENTITY_NUC
                Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched:       18892170 seqs, 6143817638 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      37784340

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       Published_Applications_NA_Main:*
                1:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US07_PUBCOMB.seq:*
                2:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US08_PUBCOMB.seq:*
                3:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US09A_PUBCOMB.seq:*
                4:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US09B_PUBCOMB.seq:*
                5:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US09C_PUBCOMB.seq:*
                6:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US10A_PUBCOMB.seq:*
                7:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US10B_PUBCOMB.seq:*
                8:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US10C_PUBCOMB.seq:*
                9:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US10D_PUBCOMB.seq:*
                10:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US10E_PUBCOMB.seq:*
                11:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US10F_PUBCOMB.seq:*
                12:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US10G_PUBCOMB.seq:*
                13:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US11A_PUBCOMB.seq:*
                14:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US11B_PUBCOMB.seq:*
                15:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US11C_PUBCOMB.seq:*
                16:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US11D_PUBCOMB.seq:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                                    SUMMARIES
                   %
Result           Query
  No.    Score   Match Length DB  ID                        Description
  ---------------------------------------------------------------------------
     1    3797   100.0    3797  10  US-10-616-101-1            Sequence 1, Appli
     2  3393.4    89.4    3816  10  US-10-616-101-2            Sequence 2, Appli
     3  3388.8    89.2    4275  3  US-09-972-115A-5           Sequence 5, Appli
     4  3388.8    89.2    5778  6  US-10-163-587A-14          Sequence 14, Appl
     5  3387.2    89.2    4127  7  US-10-199-937-100          Sequence 100, App
     6  3387.2    89.2    4406  7  US-10-199-937-106          Sequence 106, App
     7  3387.2    89.2    4992  7  US-10-199-937-134          Sequence 134, App
     8  3387.2    89.2    5002  7  US-10-199-937-132          Sequence 132, App
     9  3387.2    89.2    5075  8  US-10-302-172-556          Sequence 556, App
    10  3387.2    89.2    6018  3  US-09-849-602-11           Sequence 11, Appl
    11  3387.2    89.2    6189  10  US-10-898-653-5            Sequence 5, Appli
    12    3297    86.8    3400  3  US-09-509-196A-1           Sequence 1, Appli
    13  3296.2    86.8    3508  7  US-10-199-937-1            Sequence 1, Appli
    14  2969.6    78.2    4493  3  US-09-972-115A-1           Sequence 1, Appli
    15  2968.2    78.2    4297  3  US-09-972-115A-3           Sequence 3, Appli
    16  2439.8    64.3    2971  7  US-10-199-937-92           Sequence 92, Appl
    17  2439.8    64.3    3353  7  US-10-199-937-88           Sequence 88, Appl
```

```
    18  2357.8    62.1    3799  7  US-10-199-937-90           Sequence 90, Appl
    19  1813.4    47.8    3984  7  US-10-199-937-3            Sequence 3, Appli
    20  1813.4    47.8    4134  3  US-09-841-835-1            Sequence 1, Appli
    21  1813.4    47.8    4134  3  US-09-972-115A-7           Sequence 7, Appli
    22  1533.8    40.4    4435  7  US-10-252-157-342          Sequence 342, App
    23  1449.6    38.2    4491  3  US-09-841-835-7            Sequence 7, Appli
    24  1449.6    38.2    4491  10  US-10-898-653-4            Sequence 4, Appli
    25  1359.4    35.8    1568  7  US-10-199-937-98           Sequence 98, Appl
    26  1297.8    34.2    4657  3  US-09-841-835-9            Sequence 9, Appli
    27  1240.4    32.7    1466  8  US-10-276-774-340          Sequence 340, App
    28  1168.4    30.8    3308  7  US-10-199-937-177          Sequence 177, App
    29  1084.8    28.6    1103  7  US-10-199-937-159          Sequence 159, App
    30  1008.8    26.6    5482  7  US-10-199-937-138          Sequence 138, App
    31  1008.8    26.6    5484  13  US-11-097-143-9473         Sequence 9473, Ap
    32     994    26.2    2409  3  US-09-964-899-40           Sequence 40, Appl
    33     994    26.2    2409  10  US-10-975-523-40           Sequence 40, Appl
    34   794.4    20.9     797  7  US-10-252-157-341          Sequence 341, App
c   35   748.6    19.7   10194  13  US-11-097-143-9472         Sequence 9472, Ap
    36     574    15.1     582  7  US-10-199-937-45           Sequence 45, Appl
c   37   518.4    13.7     520  3  US-09-972-115A-10          Sequence 10, Appl
    38     459    12.1     460  6  US-10-106-698-2223         Sequence 2223, Ap
    39     459    12.1     460  7  US-10-199-937-5            Sequence 5, Appli
    40   396.8    10.5     402  7  US-10-181-447A-11          Sequence 11, Appl
    41   393.6    10.4     626  4  US-09-925-065A-623214      Sequence 623214,
    42   393.6    10.4     626  5  US-09-925-065A-623214      Sequence 623214,
    43   380.4    10.0     384  3  US-09-972-115A-9           Sequence 9, Appli
    44     368     9.7     441  3  US-09-918-995-17041        Sequence 17041, A
    45   359.6     9.5    1691  7  US-10-199-937-41           Sequence 41, Appl


                                   ALIGNMENTS


RESULT 1
US-10-616-101-1
; Sequence 1, Application US/10616101
; Publication No. US20050074825A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  APPLICANT:  Ossovskaya, Valeria
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods
;  FILE REFERENCE: RIGL-010CIP3
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/616,101
;  CURRENT FILING DATE:  2003-07-08
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/843,159
;  PRIOR FILING DATE: 2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 19
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 3797
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-616-101-1

  Query Match            100.0%;  Score 3797;  DB 10;  Length 3797;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 3797;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 CTTTGAAGACACTGGATTTCATACTTTTGCCTGGGGTTATCTCTCTGTGTCTCACTACAT 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CTTTGAAGACACTGGATTTCATACTTTTGCCTGGGGTTATCTCTCTGTGTCTCACTACAT 60

Qy         61 AGACAAATATTAGCTGTGAGCAGATCTTTTTTTGTTGCTTCTTGTAGTCCCCCAGTTTAG 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 AGACAAATATTAGCTGTGAGCAGATCTTTTTTTGTTGCTTCTTGTAGTCCCCCAGTTTAG 120
```

```
Qy    121 CAGAAACATTCTGTGAGATAGATGTGGGAAAGGAATTCTAGCAAGAGTTTTGTCACTGTA 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 CAGAAACATTCTGTGAGATAGATGTGGGAAAGGAATTCTAGCAAGAGTTTTGTCACTGTA 180

Qy    181 TCATAAGGTTGTGATTTACATATTTAAGTTTTATACTTTGAACATCTGAAAATGTATACA 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 TCATAAGGTTGTGATTTACATATTTAAGTTTTATACTTTGAACATCTGAAAATGTATACA 240

Qy    241 TACTAAATATGCAGAACTCTATTGTAGAGTGAGAAACATTTGAACTTTGAGCTTTCAGTC 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 TACTAAATATGCAGAACTCTATTGTAGAGTGAGAAACATTTGAACTTTGAGCTTTCAGTC 300

Qy    301 ACTTATTTTGTATTCTTTCTTTGAGGTTAGCAGTAGTACCACCCAAGGCACTGCTTAGGT 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 ACTTATTTTGTATTCTTTCTTTGAGGTTAGCAGTAGTACCACCCAAGGCACTGCTTAGGT 360

Qy    361 ACCACTGCTGCTTAGTGGAGAGTCCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGA 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 ACCACTGCTGCTTAGTGGAGAGTCCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGA 420

Qy    421 CGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCT 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 CGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCT 480

Qy    481 TATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCG 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 TATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCG 540

Qy    541 ACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 ACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGC 600

Qy    601 AATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCAT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 AATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCAT 660

Qy    661 CCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 CCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCT 720

Qy    721 TACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAA 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 TACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAA 780

Qy    781 AATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTC 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 AATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTC 840

Qy    841 AACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCA 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 AACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCA 900

Qy    901 ACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTG 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 ACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTG 960

Qy    961 TTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGC 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 TTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGC 1020

Qy   1021 AATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 AATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGT 1080

Qy   1081 ATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 ATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAG 1140

Qy   1141 TGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGG 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 TGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGG 1200

Qy   1201 CCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTC 1260
```

```
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 CCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTC 1260

Qy   1261 TCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGC 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 TCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGC 1320

Qy   1321 TGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAA 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 TGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAA 1380

Qy   1381 CATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCA 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 CATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCA 1440

Qy   1441 TAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCT 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 TAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCT 1500

Qy   1501 TGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACT 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 TGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACT 1560

Qy   1561 CCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGAT 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 CCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGAT 1620

Qy   1621 GGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGC 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 GGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGC 1680

Qy   1681 AGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTG 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 AGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTG 1740

Qy   1741 TACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTT 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 TACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTT 1800

Qy   1801 TGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGT 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 TGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGT 1860

Qy   1861 GCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTA 1920

Qy   1921 TGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAA 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 TGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAA 1980

Qy   1981 ATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCT 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 ATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCT 2040

Qy   2041 CCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGT 2100

Qy   2101 TAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 TAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGC 2160

Qy   2161 TGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTG 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 TGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTG 2220

Qy   2221 CCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTT 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 CCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTT 2280

Qy   2281 AGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGG 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 AGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGG 2340

Qy       2341 ACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAAT 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 ACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAAT 2400

Qy       2401 AAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGC 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 AAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGC 2460

Qy       2461 AGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGAC 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 AGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGAC 2520

Qy       2521 TCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGC 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 TCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGC 2580

Qy       2581 TCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 TCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCT 2640

Qy       2641 CAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 CAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCC 2700

Qy       2701 ATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTC 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 ATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTC 2760

Qy       2761 TTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCC 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 TTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCC 2820

Qy       2821 AGGAGTAGATTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGA 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 AGGAGTAGATTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGA 2880

Qy       2881 TATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCT 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 TATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCT 2940

Qy       2941 GAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 GAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAG 3000

Qy       3001 ACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGG 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGG 3060

Qy       3061 AACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGAT 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 AACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGAT 3120

Qy       3121 GCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATA 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 GCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATA 3180

Qy       3181 CAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGAAAGATACACTCACCG 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGAAAGATACACTCACCG 3240

Qy       3241 GAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGG 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 GAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGG 3300

Qy       3301 GTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGG 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGG 3360

Qy       3361 TGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGT 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 TGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGT 3420

Qy       3421 ATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTG 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTG 3480

Qy       3481 CCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 CCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGC 3540

Qy       3541 AATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAA 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 AATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAA 3600

Qy       3601 TGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 TGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTT 3660

Qy       3661 AATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 AATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAG 3720

Qy       3721 AAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCT 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 AAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCT 3780

Qy       3781 TTGCTGAAAAAAAAAAA 3797
              |||||||||||||||||
Db       3781 TTGCTGAAAAAAAAAAA 3797


RESULT 2
US-10-616-101-2
; Sequence 2, Application US/10616101
; Publication No. US20050074825A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  APPLICANT:  Ossovskaya, Valeria
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods
;  FILE REFERENCE: RIGL-010CIP3
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/616,101
;  CURRENT FILING DATE:  2003-07-08
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/843,159
;  PRIOR FILING DATE: 2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 19
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 2
;   LENGTH: 3816
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-616-101-2

  Query Match             89.4%;  Score 3393.4;  DB 10;  Length 3816;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3394;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db        422 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 481

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        482 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 541

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        542 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 601
```

```
Qy    583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    602 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 661

Qy    643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    662 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 721

Qy    703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    722 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 781

Qy    763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    782 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 841

Qy    823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    842 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 901

Qy    883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    902 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 961

Qy    943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    962 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1021

Qy   1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1022 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1081

Qy   1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1082 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1141

Qy   1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1142 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1201

Qy   1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1202 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1261

Qy   1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1262 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1321

Qy   1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1322 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1381

Qy   1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1382 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1441

Qy   1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1442 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1501

Qy   1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1502 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1561

Qy   1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1562 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1621

Qy   1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1622 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1681

Qy   1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1682 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1741

Qy   1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1742 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1801

Qy   1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1802 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1861

Qy   1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1862 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1921

Qy   1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1922 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1981

Qy   1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1982 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2041

Qy   2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2042 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2101

Qy   2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2102 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2161

Qy   2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2162 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2221

Qy   2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2222 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2281

Qy   2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2282 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2341

Qy   2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2342 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2401

Qy   2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2402 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2461

Qy   2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2462 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2521

Qy   2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2522 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2581

Qy   2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2582 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2641

Qy   2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2642 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2701

Qy   2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2702 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2761

Qy   2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2762 GAGTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2821

Qy        2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2822 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2881

Qy        2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2882 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2941

Qy        2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2942 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3001

Qy        2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3002 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3061

Qy        3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3062 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3121

Qy        3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3122 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3181

Qy        3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3182 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3241

Qy        3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3242 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3301

Qy        3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3302 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3361

Qy        3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3362 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3421

Qy        3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3422 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3481

Qy        3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3482 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3541

Qy        3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3542 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3601

Qy        3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3602 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3661

Qy        3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3662 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3721

Qy        3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3722 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3781

Qy        3763 CCTCTACGTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAAA 3797
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3782 CCTCTACGTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAAA 3816
```

RESULT 3

```
US-09-972-115A-5
; Sequence 5, Application US/09972115A
; Publication No. US20030032769A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:  Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 5
;   LENGTH: 4275
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (284)..(3781)
;   OTHER INFORMATION:
US-09-972-115A-5

  Query Match             89.2%;  Score 3388.8;  DB 3;  Length 4275;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3390;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy         403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db         481 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 540

Qy         463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         541 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 600

Qy         523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         601 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 660

Qy         583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         661 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 720

Qy         643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         721 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 780

Qy         703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         781 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 840

Qy         763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         841 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 900

Qy         823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         901 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 960

Qy         883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         961 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 1020

Qy         943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1021 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1080

Qy        1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1081 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1140

Qy          1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1141 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1200

Qy          1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1201 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1260

Qy          1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1261 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1320

Qy          1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1321 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1380

Qy          1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1381 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1440

Qy          1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1441 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1500

Qy          1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1501 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1560

Qy          1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1561 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1620

Qy          1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1621 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1680

Qy          1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1681 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1740

Qy          1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1741 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1800

Qy          1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1801 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1860

Qy          1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1861 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1920

Qy          1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1921 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1980

Qy          1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1981 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2040

Qy          1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2041 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2100

Qy          2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db          2101 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2160

Qy          2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2161 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2220

Qy          2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2221 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2280

Qy          2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2281 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2340

Qy          2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2341 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2400

Qy          2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2401 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2460

Qy          2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2461 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2520

Qy          2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2521 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2580

Qy          2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2581 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2640

Qy          2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2641 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2700

Qy          2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2701 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2760

Qy          2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2761 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2820

Qy          2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2821 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2880

Qy          2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2881 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2940

Qy          2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2941 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 3000

Qy          2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3001 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3060

Qy          2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3061 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3120

Qy          3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3121 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3180

Qy          3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3181 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3240

Qy          3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3241 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3300
```

```
Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3360

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3420

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3480

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3540

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3600

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3660

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3720

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3780

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3840

Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3872


RESULT 4
US-10-163-587A-14
; Sequence 14, Application US/10163587A
; Publication No. US20030096263A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Oliveira, Marcos
;  TITLE OF INVENTION: SELECTIVE PARP-1 TARGETING FOR DESIGNING CHEMO/RADIO SENSITIZING
;  FILE REFERENCE: 50229-306
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/163,587A
;  CURRENT FILING DATE:  2003-01-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/296,110
;  PRIOR FILING DATE: 2001-06-07
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 40
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 14
;   LENGTH: 5778
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (1)..(3501)
;   OTHER INFORMATION:
US-10-163-587A-14

  Query Match             89.2%;  Score 3388.8;  DB 6;  Length 5778;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3390;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Db        198 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 257

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        258 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 317

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        318 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 377

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        378 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 437

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        438 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 497

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        498 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 557

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        558 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 617

Qy        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        618 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 677

Qy        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        678 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 737

Qy        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        738 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 797

Qy       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        798 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 857

Qy       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        858 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 917

Qy       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        918 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 977

Qy       1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        978 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1037

Qy       1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1038 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1097

Qy       1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1098 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1157

Qy       1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1158 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1217

Qy       1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1218 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1277

Qy       1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1278 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1337
```

```
Qy   1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1338 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1397

Qy   1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1398 CTTTACTGCTTTACAGATGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1457

Qy   1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1458 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1517

Qy   1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1518 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1577

Qy   1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1578 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1637

Qy   1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1638 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1697

Qy   1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1698 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1757

Qy   1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1758 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 1817

Qy   2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db   1818 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 1877

Qy   2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1878 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 1937

Qy   2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1938 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 1997

Qy   2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1998 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2057

Qy   2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2058 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2117

Qy   2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2118 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2177

Qy   2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2178 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2237

Qy   2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2238 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2297

Qy   2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2298 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2357

Qy   2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2358 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2417

Qy   2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2418 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2477

Qy   2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2478 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2537

Qy   2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2538 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2597

Qy   2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2598 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2657

Qy   2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2658 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2717

Qy   2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2718 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2777

Qy   2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2778 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 2837

Qy   3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2838 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 2897

Qy   3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2898 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 2957

Qy   3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2958 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3017

Qy   3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3018 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3077

Qy   3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3078 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3137

Qy   3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3138 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3197

Qy   3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3198 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3257

Qy   3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3258 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3317

Qy   3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3318 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3377

Qy   3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3378 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3437

Qy   3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3438 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3497

Qy   3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3498 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3557

Qy        3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
               ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3558 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3589


RESULT 5
US-10-199-937-100
; Sequence 100, Application US/10199937
; Publication No. US20030190739A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Christenson, Erik
;  APPLICANT:  DeMaggio, Anthony J.
;  APPLICANT:  Goldman, Phyllis S.
;  APPLICANT:  McElligott, David L.
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE2 MATERIALS AND METHODS
;  FILE REFERENCE: 27866/36559
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/199,937
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/606,035
;  PRIOR FILING DATE: 2000-06-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/141,582
;  PRIOR FILING DATE: 1999-06-29
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 100
;   LENGTH: 4127
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (2)..(3508)
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: 3'UTR
;   LOCATION: (3509)..(4127)
US-10-199-937-100

  Query Match             89.2%;  Score 3387.2;  DB 7;  Length 4127;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy         403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db         208 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 267

Qy         463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         268 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 327

Qy         523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         328 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 387

Qy         583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         388 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 447

Qy         643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         448 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 507

Qy         703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         508 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 567

Qy         763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         568 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 627

Qy         823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         628 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 687
```

```
Qy         883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         688 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 747

Qy         943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         748 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 807

Qy        1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         808 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 867

Qy        1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         868 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 927

Qy        1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         928 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 987

Qy        1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         988 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1047

Qy        1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1048 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1107

Qy        1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1108 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1167

Qy        1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1168 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1227

Qy        1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1228 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1287

Qy        1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1288 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1347

Qy        1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1348 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1407

Qy        1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1408 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1467

Qy        1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1468 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1527

Qy        1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1528 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1587

Qy        1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1588 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1647

Qy        1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1648 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1707

Qy        1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1708 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1767
```

```
Qy   1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1768 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 1827

Qy   2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAAACAGGATGGAAA 2082
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db   1828 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAAACAGGATGGAAA 1887

Qy   2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1888 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 1947

Qy   2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1948 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2007

Qy   2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2008 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2067

Qy   2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2068 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2127

Qy   2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2128 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2187

Qy   2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2188 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2247

Qy   2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2248 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2307

Qy   2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2308 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2367

Qy   2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
          ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2368 AGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2427

Qy   2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2428 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2487

Qy   2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2488 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2547

Qy   2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2548 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2607

Qy   2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2608 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2667

Qy   2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2668 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2727

Qy   2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2728 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2787

Qy   2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2788 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 2847

Qy   3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2848 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 2907

Qy   3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2908 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 2967

Qy   3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2968 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3027

Qy   3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3028 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3087

Qy   3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3088 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3147

Qy   3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3148 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3207

Qy   3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3208 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3267

Qy   3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3268 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3327

Qy   3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3328 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3387

Qy   3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3388 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3447

Qy   3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3448 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3507

Qy   3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3508 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3567

Qy   3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
          ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3568 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3599
```

```
RESULT 6
US-10-199-937-106
; Sequence 106, Application US/10199937
; Publication No. US20030190739A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Christenson, Erik
;  APPLICANT:  DeMaggio, Anthony J.
;  APPLICANT:  Goldman, Phyllis S.
;  APPLICANT:  McElligott, David L.
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE2 MATERIALS AND METHODS
;  FILE REFERENCE: 27866/36559
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/199,937
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/606,035
;  PRIOR FILING DATE: 2000-06-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/141,582
;  PRIOR FILING DATE: 1999-06-29
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 106
;   LENGTH: 4406
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (2)..(3787)
US-10-199-937-106

  Query Match             89.2%;  Score 3387.2;  DB 7;  Length 4406;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db        487 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 546

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        547 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 606

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        607 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 666

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        667 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 726

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        727 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 786

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        787 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 846

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        847 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 906

Qy        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        907 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 966

Qy        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        967 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 1026

Qy        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1027 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1086

Qy       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1087 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1146

Qy       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1147 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1206

Qy       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1207 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1266

Qy       1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1267 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1326

Qy       1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1327 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1386

Qy       1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1387 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1446

Qy       1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1447 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1506

Qy       1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1507 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1566

Qy       1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1567 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1626

Qy       1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1627 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1686

Qy       1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1687 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1746

Qy       1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1747 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1806

Qy       1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1807 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1866

Qy       1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1867 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1926

Qy       1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1927 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1986

Qy       1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1987 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2046

Qy       1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2047 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2106

Qy       2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db       2107 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2166

Qy       2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2167 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2226

Qy       2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2227 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2286

Qy       2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2287 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2346

Qy       2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2347 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2406

Qy       2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2407 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2466

Qy       2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2467 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2526
```

```
Qy       2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2527 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2586

Qy       2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2587 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2646

Qy       2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
              ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2647 AGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2706

Qy       2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2707 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2766

Qy       2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2767 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2826

Qy       2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2827 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2886

Qy       2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2887 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2946

Qy       2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2947 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 3006

Qy       2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3007 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3066

Qy       2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3067 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3126

Qy       3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3127 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3186

Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3187 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3246

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3247 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3306

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3307 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3366

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3367 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3426

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3427 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3486

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3487 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3546

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3547 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3606

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3607 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3666

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3667 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3726

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3727 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3786

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3787 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3846

Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3847 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3878


RESULT 7
US-10-199-937-134
; Sequence 134, Application US/10199937
; Publication No. US20030190739A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Christenson, Erik
;  APPLICANT:  DeMaggio, Anthony J.
;  APPLICANT:  Goldman, Phyllis S.
;  APPLICANT:  McElligott, David L.
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE2 MATERIALS AND METHODS
;  FILE REFERENCE: 27866/36559
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/199,937
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/606,035
;  PRIOR FILING DATE: 2000-06-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/141,582
;  PRIOR FILING DATE: 1999-06-29
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 134
;   LENGTH: 4992
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (876)..(4373)
US-10-199-937-134

  Query Match            89.2%;  Score 3387.2;  DB 7;  Length 4992;
  Best Local Similarity  99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db       1073 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 1132

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1133 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 1192

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1193 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 1252

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1253 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 1312

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1313 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 1372
```

```
Qy    703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1373 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 1432

Qy    763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1433 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 1492

Qy    823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1493 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 1552

Qy    883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1553 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 1612

Qy    943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1613 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1672

Qy   1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1673 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1732

Qy   1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1733 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1792

Qy   1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1793 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1852

Qy   1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1853 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1912

Qy   1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1913 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1972

Qy   1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1973 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 2032

Qy   1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2033 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 2092

Qy   1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2093 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 2152

Qy   1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2153 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 2212

Qy   1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2213 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 2272

Qy   1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2273 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 2332

Qy   1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2333 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 2392

Qy   1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2393 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 2452

Qy   1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2453 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 2512

Qy   1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2513 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 2572

Qy   1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2573 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2632

Qy   1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2633 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2692

Qy   2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db   2693 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2752

Qy   2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2753 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2812

Qy   2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2813 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2872

Qy   2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2873 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2932

Qy   2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2933 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2992

Qy   2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2993 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 3052

Qy   2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3053 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 3112

Qy   2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3113 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 3172

Qy   2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3173 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 3232

Qy   2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
          ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3233 AGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 3292

Qy   2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3293 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 3352

Qy   2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3353 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 3412

Qy   2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3413 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 3472

Qy   2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3473 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 3532

Qy   2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3533 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 3592

Qy       2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3593 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3652

Qy       2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3653 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3712

Qy       3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3713 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3772

Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3773 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3832

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3833 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3892

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3893 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3952

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3953 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 4012

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4013 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 4072

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4073 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 4132

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4133 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 4192

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4193 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 4252

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4253 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 4312

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4313 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 4372

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4373 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 4432

Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4433 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 4464


RESULT 8
US-10-199-937-132
; Sequence 132, Application US/10199937
; Publication No. US20030190739A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Christenson, Erik
;  APPLICANT:  DeMaggio, Anthony J.
;  APPLICANT:  Goldman, Phyllis S.
;  APPLICANT:  McElligott, David L.
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE2 MATERIALS AND METHODS
;  FILE REFERENCE: 27866/36559
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/199,937
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/606,035
;  PRIOR FILING DATE: 2000-06-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/141,582
;  PRIOR FILING DATE: 1999-06-29
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 132
;   LENGTH: 5002
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (229)..(4383)
US-10-199-937-132

  Query Match             89.2%;  Score 3387.2;  DB 7;  Length 5002;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db       1083 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 1142

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1143 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 1202

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1203 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 1262

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1263 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 1322

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1323 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 1382

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1383 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 1442

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1443 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 1502

Qy        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1503 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 1562

Qy        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1563 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 1622

Qy        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1623 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1682

Qy       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1683 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1742

Qy       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1743 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1802

Qy       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1803 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1862
```

```
Qy     1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1863 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1922

Qy     1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1923 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1982

Qy     1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1983 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 2042

Qy     1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2043 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 2102

Qy     1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2103 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 2162

Qy     1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2163 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 2222

Qy     1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2223 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 2282

Qy     1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2283 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 2342

Qy     1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2343 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 2402

Qy     1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2403 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 2462

Qy     1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2463 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 2522

Qy     1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2523 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 2582

Qy     1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2583 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2642

Qy     1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2643 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2702

Qy     2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db     2703 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2762

Qy     2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2763 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2822

Qy     2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2823 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2882

Qy     2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2883 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2942

Qy     2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2943 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 3002

Qy     2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3003 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 3062

Qy     2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3063 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 3122

Qy     2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3123 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 3182

Qy     2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3183 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 3242

Qy     2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
            ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3243 AGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 3302

Qy     2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3303 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 3362

Qy     2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3363 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 3422

Qy     2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3423 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 3482

Qy     2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3483 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 3542

Qy     2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3543 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 3602

Qy     2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3603 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3662

Qy     2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3663 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3722

Qy     3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3723 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3782

Qy     3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3783 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3842

Qy     3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3843 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3902

Qy     3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3903 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3962

Qy     3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3963 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 4022

Qy     3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4023 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTGCTGAAAACTCTTC 4082

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4083 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 4142

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4143 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 4202

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4203 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 4262

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4263 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 4322

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4323 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 4382

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4383 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 4442

Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4443 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 4474


RESULT 9
US-10-302-172-556
; Sequence 556, Application US/10302172
; Publication No. US20040053250A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Tang, Y. Tom
;  APPLICANT:  Xue, Aidong J.
;  APPLICANT:  Drmanac, Radoje T.
;  TITLE OF INVENTION: No. US20040053250A1el Arginine-rich Protein-like Nucleic Acids an
;  TITLE OF INVENTION:  Polypeptides
;  FILE REFERENCE: 803_1CNCP
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/302,172
;  CURRENT FILING DATE:  2002-11-21
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 10/225,251
;  PRIOR FILING DATE: 2002-08-20
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT US02/05095
;  PRIOR FILING DATE: 2002-03-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/799,451
;  PRIOR FILING DATE: 2001-03-05
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 950
;  SOFTWARE: pt_FL_genes Version 2.0
; SEQ ID NO 556
;   LENGTH: 5075
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (253)..(3750)
US-10-302-172-556

  Query Match            89.2%;  Score 3387.2;  DB 8;  Length 5075;
  Best Local Similarity  99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||||||
Db        450 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAAAATGGTGCAAATGTCCAAGC 509

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        510 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 569
```

```
Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        570 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 629

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        630 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 689

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        690 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 749

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        750 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 809

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        810 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 869

Qy        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        870 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 929

Qy        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        930 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 989

Qy        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        990 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1049

Qy       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1050 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1109

Qy       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1110 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1169

Qy       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1170 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1229

Qy       1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1230 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1289

Qy       1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1290 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1349

Qy       1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1350 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1409

Qy       1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1410 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1469

Qy       1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1470 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1529

Qy       1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1530 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1589

Qy       1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1590 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1649
```

```
Qy   1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1650 CTTTACTGCTTTACAGATGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1709

Qy   1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1710 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1769

Qy   1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1770 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1829

Qy   1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1830 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1889

Qy   1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1890 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1949

Qy   1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1950 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2009

Qy   1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2010 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2069

Qy   2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db   2070 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2129

Qy   2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2130 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2189

Qy   2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2190 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2249

Qy   2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2250 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2309

Qy   2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2310 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2369

Qy   2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2370 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2429

Qy   2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2430 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2489

Qy   2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2490 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2549

Qy   2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2550 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2609

Qy   2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2610 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2669

Qy   2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2670 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2729

Qy   2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2730 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2789

Qy   2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2790 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2849

Qy   2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2850 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2909

Qy   2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2910 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2969

Qy   2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2970 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3029

Qy   2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3030 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3089

Qy   3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3090 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3149

Qy   3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3150 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3209

Qy   3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3210 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3269

Qy   3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3270 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3329

Qy   3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3330 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3389

Qy   3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3390 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3449

Qy   3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3450 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3509

Qy   3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3510 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3569

Qy   3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3570 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3629

Qy   3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3630 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3689

Qy   3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3690 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3749

Qy   3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3750 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3809

Qy   3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
          ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3810 CCTCTACGTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3841

RESULT 10
US-09-849-602-11
; Sequence 11, Application US/09849602
; Publication No. US20030165834A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Scanlan, Matthew J.
;  APPLICANT:  Old, Lloyd J.
;  APPLICANT:  Stockert, Elisabeth
;  APPLICANT:  Chen, Yao-Tseng
;  TITLE OF INVENTION: Colon Cancer Antigen Panel
;  FILE REFERENCE: L0461/7105(JRV)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/849,602
;  CURRENT FILING DATE:  2001-05-04
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 30
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO 11
;   LENGTH: 6018
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapien
US-09-849-602-11

  Query Match             89.2%;  Score 3387.2;  DB 3;  Length 6018;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy         403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db         418 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 477

Qy         463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         478 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 537

Qy         523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         538 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 597

Qy         583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         598 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 657

Qy         643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         658 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 717

Qy         703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         718 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 777

Qy         763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         778 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 837

Qy         823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         838 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 897

Qy         883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         898 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 957

Qy         943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         958 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1017

Qy        1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1018 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1077

Qy        1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1078 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1137

Qy        1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1138 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1197

Qy        1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1198 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1257

Qy        1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1258 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1317

Qy        1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1318 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1377

Qy        1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1378 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1437

Qy        1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1438 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1497

Qy        1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1498 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1557

Qy        1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1558 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1617

Qy        1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1618 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1677

Qy        1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1678 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1737

Qy        1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1738 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1797

Qy        1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1798 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1857

Qy        1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1858 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1917

Qy        1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1918 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1977

Qy        1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1978 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2037

Qy        2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db        2038 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2097

Qy        2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2098 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2157

Qy        2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2158 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2217

Qy       2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2218 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2277

Qy       2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2278 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2337

Qy       2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2338 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2397

Qy       2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2398 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2457

Qy       2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2458 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2517

Qy       2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2518 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2577

Qy       2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
              ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2578 AGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2637

Qy       2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2638 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2697

Qy       2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2698 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2757

Qy       2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2758 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2817

Qy       2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2818 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2877

Qy       2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2878 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2937

Qy       2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2938 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2997

Qy       2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2998 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3057

Qy       3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3058 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3117

Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3118 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3177

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3178 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3237

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3238 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3297

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3298 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3357

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3358 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3417

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3418 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3477

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3478 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3537

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3538 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3597

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3598 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3657

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3658 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3717

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3718 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3777

Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3778 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3809


RESULT 11
US-10-898-653-5
; Sequence 5, Application US/10898653
; Publication No. US20050143370A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Helleday et al
;  TITLE OF INVENTION: Therapeutic Compounds
;  FILE REFERENCE: J660-046
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/898,653
;  CURRENT FILING DATE:  2004-07-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 6
; SEQ ID NO 5
;   LENGTH: 6189
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapien
US-10-898-653-5

  Query Match             89.2%;  Score 3387.2;  DB 10;  Length 6189;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db        577 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 636

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        637 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 696

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        697 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 756

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    757 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 816

Qy    643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    817 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 876

Qy    703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    877 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 936

Qy    763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    937 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 996

Qy    823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    997 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 1056

Qy    883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1057 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 1116

Qy    943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1117 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1176

Qy   1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1177 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1236

Qy   1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1237 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1296

Qy   1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1297 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1356

Qy   1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1357 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1416

Qy   1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1417 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1476

Qy   1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1477 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1536

Qy   1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1537 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1596

Qy   1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1597 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1656

Qy   1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1657 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1716

Qy   1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1717 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1776

Qy   1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1777 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1836

Qy   1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1837 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1896

Qy   1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1897 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1956

Qy   1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1957 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 2016

Qy   1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2017 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 2076

Qy   1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2077 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2136

Qy   1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2137 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2196

Qy   2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db   2197 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2256

Qy   2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2257 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2316

Qy   2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2317 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2376

Qy   2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2377 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2436

Qy   2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2437 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2496

Qy   2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2497 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2556

Qy   2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2557 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2616

Qy   2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2617 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2676

Qy   2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2677 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2736

Qy   2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
          ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2737 AGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2796

Qy   2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2797 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2856

Qy   2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2857 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2916

Qy   2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2917 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2976
```

```
Qy       2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2977 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 3036

Qy       2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3037 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 3096

Qy       2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3097 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3156

Qy       2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3157 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3216

Qy       3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3217 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3276

Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3277 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3336

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3337 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3396

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3397 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3456

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3457 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3516

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3517 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3576

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3577 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3636

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3637 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3696

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3697 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3756

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3757 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3816

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3817 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3876

Qy       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3877 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3936

Qy       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3937 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3968


RESULT 12
US-09-509-196A-1
; Sequence 1, Application US/09509196A
; Patent No. US20020037582A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT:  DALY, Roger J.
;  APPLICANT:  SUTHERLAND, Robert L.
;  TITLE OF INVENTION:  A Potential Effector for the Grb7 Family of Signalling
;  TITLE OF INVENTION:  Proteins
;  FILE REFERENCE:  1871-129
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/509,196A
;  CURRENT FILING DATE:  2000-03-23
;  PRIOR APPLICATION NUMBER:  P09388
;  PRIOR FILING DATE:  1997-09-23
;  PRIOR APPLICATION NUMBER:  PCT AU98/00795
;  PRIOR FILING DATE:  1998-09-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS:  2
;  SOFTWARE:  PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 3400
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-509-196A-1

  Query Match             86.8%;  Score 3297;  DB 3;  Length 3400;
  Best Local Similarity   99.7%;  Pred. No. 0;
  Matches 3303;  Conservative    0;  Mismatches   10;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        482 ATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGA 541
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGA 60

Qy        542 CATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCA 601
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 CATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCA 120

Qy        602 ATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATC 661
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 ATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATC 180

Qy        662 CGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTT 721
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 CGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTT 240

Qy        722 ACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAA 781
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAA 300

Qy        782 ATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCA 841
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCA 360

Qy        842 ACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAA 901
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 ACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAA 420

Qy        902 CATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGT 961
              ||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CATGGACGTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGT 480

Qy        962 TCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCA 1021
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db        481 TCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGGCTGTGTAAATGCA 540

Qy       1022 ATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTA 1081
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTA 600

Qy       1082 TGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGT 1141
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | |||||||||
Db        601 TGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTAAGAATAAAAGT 660

Qy       1142 GCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGC 1201
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGC 720

Qy       1202 CACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCT 1261
```

```
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     721 CACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCT 780

Qy    1262 CTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCT 1321
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     781 CTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCT 840

Qy    1322 GCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAAC 1381
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     841 GCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAAC 900

Qy    1382 ATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCAT 1441
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     901 ATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCAT 960

Qy    1442 AATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTT 1501
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     961 AATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTT 1020

Qy    1502 GGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTC 1561
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1021 GGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTC 1080

Qy    1562 CTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATG 1621
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1081 CTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATG 1140

Qy    1622 GGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCA 1681
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1141 GGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCA 1200

Qy    1682 GACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGT 1741
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1201 GACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGT 1260

Qy    1742 ACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTT 1801
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1261 ACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTT 1320

Qy    1802 GCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTG 1861
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1321 GCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTG 1380

Qy    1862 CATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTAT 1921
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db    1381 CATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTACGGACATTAT 1440

Qy    1922 GAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAA 1981
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1441 GAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAA 1500

Qy    1982 TTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTC 2041
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1501 TTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTC 1560

Qy    2042 CAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTT 2101
           |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1561 CAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTT 1620

Qy    2102 AAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCT 2161
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1621 AAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCT 1680

Qy    2162 GCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGC 2221
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1681 GCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGC 1740

Qy    2222 CGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTA 2281
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1741 CGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTA 1800

Qy    2282 GAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGA 2341
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    1801 GAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGA 1860

Qy    2342 CTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATA 2401
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1861 CTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATA 1920

Qy    2402 AAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCA 2461
           ||||||||||||| | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1921 AAGTATAATGCATCTCTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCA 1980

Qy    2462 GCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACT 2521
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1981 GCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACT 2040

Qy    2522 CTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCT 2581
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Db    2041 CTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCAGATGATGTCAGCGCT 2100

Qy    2582 CTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTC 2641
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2101 CTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTC 2160

Qy    2642 AATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCA 2701
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2161 AATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCA 2220

Qy    2702 TCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCT 2761
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2221 TCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCT 2280

Qy    2762 TCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCA 2821
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2281 TCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCA 2340

Qy    2822 GGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGAT 2881
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2341 GGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGAT 2400

Qy    2882 ATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTG 2941
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2401 ATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTG 2460

Qy    2942 AAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGA 3001
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2461 AAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGA 2520

Qy    3002 CTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGA 3061
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2521 CTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGA 2580

Qy    3062 ACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATG 3121
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2581 ACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATG 2640

Qy    3122 CAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATAC 3181
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2641 CAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATAC 2700

Qy    3182 AATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGG 3241
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2701 AATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGG 2760

Qy    3242 AGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGG 3301
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2761 AGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGG 2820

Qy    3302 TCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGT 3361
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2821 TCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGT 2880

Qy    3362 GGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTA 3421
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2881 GGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTA 2940
```

```
Qy       3422 TATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGC 3481
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 TATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGC 3000

Qy       3482 CACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCA 3541
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 CACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCA 3060

Qy       3542 ATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAAT 3601
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 ATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAAT 3120

Qy       3602 GGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTA 3661
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 GGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTA 3180

Qy       3662 ATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGA 3721
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 ATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGA 3240

Qy       3722 AACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTT 3781
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTT 3300

Qy       3782 TGCTGAAAAAAAA 3794
              |||||||||||||
Db       3301 TGCTGAAAAAAAA 3313


RESULT 13
US-10-199-937-1
; Sequence 1, Application US/10199937
; Publication No. US20030190739A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Christenson, Erik
;  APPLICANT:  DeMaggio, Anthony J.
;  APPLICANT:  Goldman, Phyllis S.
;  APPLICANT:  McElligott, David L.
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE2 MATERIALS AND METHODS
;  FILE REFERENCE: 27866/36559
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/199,937
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/606,035
;  PRIOR FILING DATE: 2000-06-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/141,582
;  PRIOR FILING DATE: 1999-06-29
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 3508
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (2)..(3508)
US-10-199-937-1

  Query Match             86.8%;  Score 3296.2;  DB 7;  Length 3508;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3298;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db        208 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 267

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        268 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 327

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        328 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 387

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        388 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 447

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        448 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 507

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        508 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 567

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        568 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 627

Qy        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        628 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 687

Qy        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        688 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 747

Qy        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        748 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 807

Qy       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        808 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 867

Qy       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        868 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 927

Qy       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        928 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 987

Qy       1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        988 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1047

Qy       1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1048 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1107

Qy       1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1108 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1167

Qy       1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1168 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1227

Qy       1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1228 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1287

Qy       1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1288 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1347

Qy       1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1348 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1407

Qy       1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1408 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1467
```

```
Qy       1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1468 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1527

Qy       1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1528 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1587

Qy       1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1588 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1647

Qy       1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1648 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1707

Qy       1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1708 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1767

Qy       1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1768 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 1827

Qy       2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db       1828 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 1887

Qy       2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1888 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 1947

Qy       2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1948 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2007

Qy       2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2008 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2067

Qy       2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2068 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2127

Qy       2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2128 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2187

Qy       2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2188 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2247

Qy       2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2248 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2307

Qy       2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2308 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2367

Qy       2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
              ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2368 AGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2427

Qy       2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2428 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2487

Qy       2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2488 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2547

Qy       2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2548 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2607

Qy       2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2608 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2667

Qy       2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2668 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2727

Qy       2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2728 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2787

Qy       2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2788 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 2847

Qy       3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2848 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 2907

Qy       3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2908 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 2967

Qy       3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2968 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3027

Qy       3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3028 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3087

Qy       3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3088 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3147

Qy       3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3148 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3207

Qy       3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3208 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3267

Qy       3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3268 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3327

Qy       3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3328 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3387

Qy       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3388 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3447

Qy       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3448 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3507

Qy       3703 A 3703
              |
Db       3508 A 3508


RESULT 14
US-09-972-115A-1
; Sequence 1, Application US/09972115A
; Publication No. US20030032769A1
; GENERAL INFORMATION:
```

```
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:  Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 4493
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (1)..(3999)
;   OTHER INFORMATION:
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1)..(586)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (596)..(597)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (621)..(621)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (626)..(626)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (629)..(629)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (638)..(638)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (693)..(694)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (724)..(724)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (730)..(730)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (764)..(764)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (791)..(791)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2148)..(2148)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2177)..(2177)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2382)..(2382)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2398)..(2398)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2466)..(2466)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2468)..(2468)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2493)..(2493)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2536)..(2860)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (3163)..(3163)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (3488)..(3499)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
US-09-972-115A-1

  Query Match             78.2%;  Score 2969.6;  DB 3;  Length 4493;
  Best Local Similarity   88.6%;  Pred. No. 0;
  Matches 3028;  Conservative    1;  Mismatches  363;  Indels   27;  Gaps    2;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||| || |  || ||||||||||||| |||||||||| | ||||| |
Db        672 AGGTTTTGGGCGGAAAAACCTNNTTAAATATTTGCTTCAAAATGGTGCAAATNTCCAANC 731

Qy        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
              || | || |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||| ||
Db        732 ACTTTATAATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATANTGCATGCTCTTTTGGTCATGCTAAAAN 791

Qy        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        792 TATCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 851

Qy        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        852 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 911

Qy        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        912 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 971

Qy        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        972 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 1031

Qy        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1032 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 1091

Qy        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1092 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 1151

Qy        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1152 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 1211

Qy       943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1212 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1271

Qy      1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1272 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1331

Qy      1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1332 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1391

Qy      1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1392 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1451

Qy      1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1452 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1511

Qy      1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1512 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1571

Qy      1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1572 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1631

Qy      1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1632 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1691

Qy      1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1692 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1751

Qy      1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1752 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1811

Qy      1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1812 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1871

Qy      1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1872 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1931

Qy      1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1932 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1991

Qy      1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1992 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 2051

Qy      1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2052 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 2111

Qy      1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db      2112 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGNGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 2171

Qy      1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
             ||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2172 ATGTTNTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2231

Qy      1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2232 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2291
```

```
Qy      2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db      2292 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2351

Qy      2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
             ||||| |||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||| |||||||||||||
Db      2352 TACTCTTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGANACAGATATTCAAGATNTGCTTAGGGGAGA 2411

Qy      2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
             ||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | || 
Db      2412 TGCAGTTTTGTTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTNTNTTT 2471

Qy      2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
             ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2472 TCCTGATAATGTAAATTGCCGNGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2531

Qy      2263 AGCT------GGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGA 2316
             || |
Db      2532 AGGTNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2591

Qy      2317 TGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCA 2376

Db      2592 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2651

Qy      2377 TGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATG 2436

Db      2652 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2711

Qy      2437 GGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTT 2496

Db      2712 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2771

Qy      2497 GCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTT 2556

Db      2772 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2831

Qy      2557 AGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCC 2616
                                          |||||||||||||||||||||||| ||||||
Db      2832 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGTTCTGCC 2891

Qy      2617 CTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGC 2676
             ||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2892 CTCTTGTAACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGC 2951

Qy      2677 TCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTT 2736
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2952 TCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTT 3011

Qy      2737 ATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTC 2796
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3012 ATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTC 3071

Qy      2797 CAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAA 2856
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3072 CAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAA 3131

Qy      2857 TCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATT 2916
             |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db      3132 TCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTNAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATT 3191

Qy      2917 AGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCA 2976
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||
Db      3192 AGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGWATCAATGCTTATGGACATAGGCA 3251

Qy      2977 CAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTT 3036
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3252 CAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTT 3311

Qy      3037 AACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGA 3096
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3312 AACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGA 3371
```

```
Qy        3097 GTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCA 3156
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3372 GTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCA 3431

Qy        3157 TGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAA 3216
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3432 TGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACANNNN 3491

Qy        3217 ACTATG---------------------GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTC 3255
                                          |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3492 NNNNNNNGAGCCAAGATTCGGCACGAGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTC 3551

Qy        3256 TGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAA 3315
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3552 TGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAA 3611

Qy        3316 TGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGC 3375
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3612 TGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGC 3671

Qy        3376 TGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGG 3435
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3672 TGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGG 3731

Qy        3436 AGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCT 3495
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3732 AGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCT 3791

Qy        3496 CTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACA 3555
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3792 CTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACA 3851

Qy        3556 TTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGC 3615
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3852 TTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGC 3911

Qy        3616 TGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGAT 3675
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3912 TGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGAT 3971

Qy        3676 TATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTG 3735
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3972 TATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTG 4031

Qy        3736 AACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4032 AACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 4090

RESULT 15
US-09-972-115A-3
; Sequence 3, Application US/09972115A
; Publication No. US20030032769A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:  Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 4297
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
```

```
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (1)..(3801)
;   OTHER INFORMATION:
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1)..(1)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (125)..(125)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (293)..(293)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (328)..(328)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (341)..(341)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (378)..(378)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (415)..(415)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (432)..(432)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (459)..(459)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (496)..(496)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (517)..(517)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (534)..(534)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (553)..(553)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (562)..(562)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (614)..(614)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (619)..(619)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (632)..(632)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (637)..(637)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (643)..(643)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (680)..(680)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (682)..(682)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (711)..(713)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1971)..(1971)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2000)..(2000)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2175)..(2175)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2180)..(2180)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2205)..(2205)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2221)..(2221)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2289)..(2289)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2316)..(2316)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2359)..(2674)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2977)..(2977)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2291)..(2291)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
US-09-972-115A-3

  Query Match             78.2%;  Score 2968.2;  DB 3;  Length 4297;
  Best Local Similarity   88.3%;  Pred. No. 0;
  Matches 3020;  Conservative    7;  Mismatches  381;  Indels   12;  Gaps    2;

Qy        384 CCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGA 443
              |||    ||  | :|    | ||||||||||||||||| ||  ||:||||||||||||| |
Db        476 CCCCGCTGCACTTYCCCGCANGTTTTGGGCGGAAAGACTTANTTRAATATTTGCTTCANA 535

Qy        444 ATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCT 503
              ||||||||| |||:||| |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        536 ATGGTGCAAATGTYCAANCACGTGATNATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCT 595

Qy        504 CTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTC 563
              |||||||||:||||:||    || |||||||||||| |||| ||||| |:||||||||||
Db        596 CTTTTGGTCMTGCTRAAANTATCNATCTCCTTTTGCNACATNGTGCANAMCCCAATGCTC 655

Qy        564 GAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTT 623
              |||||||||||||||||||||||| | ||||||||||||||||||||||||||||   ||
Db        656 GAGATAATTGGAATTATACTCCTCNCNATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGANNNTT 715

Qy        624 GCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAG 683
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        716 GCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAG 775

Qy        684 CATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATG 743
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        776 CATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATG 835

Qy        744 AACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCAT 803
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        836 AACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCAT 895

Qy        804 TAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAG 863
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        896 TAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAG 955

Qy        864 GATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTA 923
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        956 GATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTA 1015

Qy        924 AAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAA 983
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1016 AAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAA 1075

Qy        984 CTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTC 1043
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1076 CTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTC 1135

Qy       1044 CTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATG 1103
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1136 CTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATG 1195

Qy       1104 GTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACAC 1163
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1196 GTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACAC 1255

Qy       1164 CACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCAC 1223
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1256 CACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCAC 1315

Qy       1224 GAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGC 1283
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1316 GAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGC 1375

Qy       1284 ATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAA 1343
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1376 ATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAA 1435

Qy       1344 AGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAAT 1403
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1436 AGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAAT 1495

Qy       1404 TCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGG 1463
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1496 TCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGG 1555

Qy       1464 TGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAG 1523
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1556 TGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAG 1615

Qy       1524 CTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTA 1583
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1616 CTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTA 1675

Qy    1584 ACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAAC 1643
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1676 ACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAAC 1735

Qy    1644 TCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTG 1703
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1736 TCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTG 1795

Qy    1704 CAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCA 1763
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1796 CAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCA 1855

Qy    1764 GAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGT 1823
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1856 GAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGT 1915

Qy    1824 CCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCC 1883
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Db    1916 CCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGNGGCC 1975

Qy    1884 TTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTA 1943
           |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1976 TTGTACCTTTGCACAATGCATGTTNTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTA 2035

Qy    1944 AACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAG 2003
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2036 AACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAG 2095

Qy    2004 CAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCA 2063
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Db    2096 CAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAA 2155

Qy    2064 AAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTC 2123
           ||||||| |   | ||||| | || |||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Db    2156 AAAAAAAAAAAAAAGGAAANATTCNTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGANACAGATATTC 2215

Qy    2124 AAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCA 2183
           ||||| |||||||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2216 AAGATNTGCTTAGGGGAGATGCAGTTTTGTTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCA 2275

Qy    2184 GAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATT 2243
           ||||||||||||| | || ||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db    2276 GAGTGAAGAAGTTNTNTTTTCCTGATAATGTAAATTGCCGNGATACCCAAGGCAGACATT 2335

Qy    2244 CAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTAC 2303
           ||||||||||||||||||||   |||
Db    2336 CAACACCTTTACATTTAGCA---GGTNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2392

Qy    2304 AACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAG 2363

Db    2393 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2452

Qy    2364 CATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATG 2423

Db    2453 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2512

Qy    2424 CCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGC 2483

Db    2513 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2572

Qy    2484 TTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAA 2543

Db    2573 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2632

Qy    2544 CACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCC 2603
                                                     ||||||||||||||||||
Db    2633 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNTGACAGCAGCCATGCCCC 2692

Qy    2604 CATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAG 2663
           |||||| ||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2693 CATCTGTTCTGCCCTCTTGTAACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAG 2752

Qy    2664 CCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCA 2723
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2753 CCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCA 2812

Qy    2724 GTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAA 2783
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2813 GTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAA 2872

Qy    2784 CAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTC 2843
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2873 CAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTC 2932

Qy    2844 AATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCA 2903
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Db    2933 AATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTNAGAGAGAACAGATCA 2992

Qy    2904 CTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTT 2963
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||
Db    2993 CTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGWATCAATGCTT 3052

Qy    2964 ATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTC 3023
           |||||||||||||||||||||||||| |   |||||||||||||||||||||||||||||
Db    3053 ATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAAGTTTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTC 3112

Qy    3024 TTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTC 3083
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3113 TTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTC 3172

Qy    3084 CTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACA 3143
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3173 CTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACA 3232

Qy    3144 GAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGG 3203
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3233 GAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGG 3292

Qy    3204 TTTGTAAC---------AAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTT 3254
           ||||||||         |     |    ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3293 TTTGTAACAGAGCCAAGATTCGGCACGAGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTT 3352

Qy    3255 CTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGA 3314
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3353 CTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGA 3412

Qy    3315 ATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAG 3374
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3413 ATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAG 3472

Qy    3375 CTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAG 3434
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3473 CTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAG 3532

Qy    3435 GAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGC 3494
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3533 GAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGC 3592

Qy    3495 TCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCAC 3554
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3593 TCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCAC 3652

Qy    3555 ATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAG 3614
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3653 ATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAG 3712

Qy    3615 CTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGA 3674
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3713 CTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGA 3772

Qy    3675 TTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACT 3734
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3773 TTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACT 3832
```

```
Qy       3735 GAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3833 GAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3892

Search completed: December 18, 2006, 21:41:00
Job time : 3863.36 secs
```

```
                 GenCore version 5.1.9
          Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.


OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on:         December 18, 2006, 17:00:26 ; Search time 754.113 Seconds
                                               (without alignments)
                                               10686.273 Million cell updates/sec

Title:          US-10-616-101-1
Perfect score:  3797
Sequence:       1 ctttgaagacactggatttc..........cctttgctgaaaaaaaaaaa 3797

Scoring table:  IDENTITY_NUC
                Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched:       3026960 seqs, 1061187768 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      6053920

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       Published_Applications_NA_New:*
                1:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpna/US09_NEW_PUB.seq:*
                2:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpna/US06_NEW_PUB.seq:*
                3:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpna/US07_NEW_PUB.seq:*
                4:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpna/US08_NEW_PUB.seq:*
                5:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpna/PCT_NEW_PUB.seq:*
                6:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpna/US10_NEW_PUB.seq:*
                7:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpna/US11_NEW_PUB.seq:*
                8:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpna/US11_NEW_PUB.seq1:*
                9:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpna/US11_NEW_PUB.seq2:*
                10:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpna/US11_NEW_PUB.seq3:*
                11:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpna/US60_NEW_PUB.seq:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                               SUMMARIES
                %
Result          Query
   No.   Score  Match Length DB  ID                          Description
 -----------------------------------------------------------------------------
     1  3387.2   89.2   3815  8  US-11-266-748A-23602         Sequence 23602, A
     2  3387.2   89.2   6189  8  US-11-266-748A-23750         Sequence 23750, A
     3  1813.4   47.8   4134  8  US-11-266-748A-29428         Sequence 29428, A
     4  1794.8   47.3   8901  8  US-11-266-748A-22929         Sequence 22929, A
     5   663.8   17.5    675  8  US-11-266-748A-251004        Sequence 251004,
c    6   663.8   17.5    675  8  US-11-266-748A-311521        Sequence 311521,
     7     570   15.0    594  8  US-11-266-748A-99554         Sequence 99554, A
c    8     570   15.0    594  8  US-11-266-748A-152365        Sequence 152365,
     9   535.6   14.1    929  8  US-11-266-748A-189602        Sequence 189602,
    10   533.6   14.1    564  8  US-11-266-748A-55144         Sequence 55144, A
    11   533.6   14.1    564  8  US-11-266-748A-217436        Sequence 217436,
c   12   515.6   13.6    668  8  US-11-266-748A-165504        Sequence 165504,
    13   515.6   13.6    668  8  US-11-266-748A-244089        Sequence 244089,
    14   503.2   13.3   1000  8  US-11-266-748A-116071        Sequence 116071,
c   15   503.2   13.3   1000  8  US-11-266-748A-158235        Sequence 158235,
    16   503.2   13.3   1000  8  US-11-266-748A-221377        Sequence 221377,
    17   503.2   13.3   1000  8  US-11-266-748A-286109        Sequence 286109,
c   18   503.2   13.3   1000  8  US-11-266-748A-337538        Sequence 337538,
    19   503.2   13.3   1000  8  US-11-266-748A-396481        Sequence 396481,
c   20   503.2   13.3   1000  8  US-11-266-748A-467527        Sequence 467527,
c   21   336.8    8.9    566  8  US-11-266-748A-379999        Sequence 379999,
    22   336.8    8.9    566  8  US-11-266-748A-463378        Sequence 463378,
```

```
    23   289.8    7.6    313  8  US-11-266-748A-8589          Sequence 8589, Ap
    24   271.8    7.2    571  6  US-10-513-369-3203           Sequence 3203, Ap
    25     267    7.0    388  8  US-11-266-748A-272728        Sequence 272728,
c   26     267    7.0    388  8  US-11-266-748A-333245        Sequence 333245,
    27   211.8    5.6    654  8  US-11-266-748A-380066        Sequence 380066,
c   28   211.8    5.6    654  8  US-11-266-748A-463445        Sequence 463445,
c   29     112    2.9    204  8  US-11-266-748A-174653        Sequence 174653,
    30     112    2.9    204  8  US-11-266-748A-246075        Sequence 246075,
    31    97.4    2.6  14771  8  US-11-266-748A-56688         Sequence 56688, A
    32      94    2.5    292  6  US-10-834-268-3160           Sequence 3160, Ap
    33    90.8    2.4   4213  8  US-11-293-697-794            Sequence 794, App
    34    90.8    2.4   6278  8  US-11-266-748A-32152         Sequence 32152, A
    35    90.8    2.4  12518  8  US-11-266-748A-32784         Sequence 32784, A
    36    83.8    2.2   2925  8  US-11-266-748A-25093         Sequence 25093, A
    37    82.2    2.2   4631  8  US-11-266-748A-23775         Sequence 23775, A
    38    81.2    2.1   1517  8  US-11-216-545-3622           Sequence 3622, Ap
    39    80.2    2.1   4408  8  US-11-266-748A-22278         Sequence 22278, A
    40    79.6    2.1   1512  8  US-11-216-545-3623           Sequence 3623, Ap
c   41    79.6    2.1   3066  6  US-10-374-780A-1815          Sequence 1815, Ap
    42    77.8    2.0   1210  6  US-10-374-780A-1819          Sequence 1819, Ap
    43    77.4    2.0   1152  7  US-11-371-354-2096           Sequence 2096, Ap
    44    77.4    2.0   1152  7  US-11-371-354-7246           Sequence 7246, Ap
    45    77.4    2.0   1152  7  US-11-371-354-65708          Sequence 65708, A


                               ALIGNMENTS


RESULT 1
US-11-266-748A-23602
; Sequence 23602, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 23602
;   LENGTH: 3815
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-23602

  Query Match            89.2%;  Score 3387.2;  DB 8;  Length 3815;
  Best Local Similarity  99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db        337 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 396
```

```
Qy      463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      397 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 456

Qy      523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      457 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 516

Qy      583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      517 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 576

Qy      643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      577 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 636

Qy      703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      637 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 696

Qy      763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      697 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 756

Qy      823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      757 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 816

Qy      883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      817 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 876

Qy      943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      877 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 936

Qy     1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      937 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 996

Qy     1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      997 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1056

Qy     1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1057 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1116

Qy     1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1117 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1176

Qy     1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1177 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1236

Qy     1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1237 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1296

Qy     1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1297 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1356

Qy     1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1357 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1416

Qy     1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1417 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1476

Qy     1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1477 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1536

Qy     1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1537 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1596

Qy     1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1597 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1656

Qy     1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1657 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1716

Qy     1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1717 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1776

Qy     1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1777 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1836

Qy     1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1837 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1896

Qy     1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1897 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 1956

Qy     2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db     1957 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2016

Qy     2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2017 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2076

Qy     2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2077 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2136

Qy     2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2137 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2196

Qy     2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2197 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2256

Qy     2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2257 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2316

Qy     2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2317 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2376

Qy     2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2377 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2436

Qy     2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2437 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2496

Qy     2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
            ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2497 AGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2556

Qy     2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2557 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2616

Qy         2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2617 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2676

Qy         2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2677 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2736

Qy         2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2737 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2796

Qy         2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2797 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2856

Qy         2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2857 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2916

Qy         2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2917 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 2976

Qy         3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2977 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3036

Qy         3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3037 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3096

Qy         3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3097 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3156

Qy         3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3157 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3216

Qy         3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3217 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3276

Qy         3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3277 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3336

Qy         3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3337 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3396

Qy         3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3397 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3456

Qy         3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3457 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3516

Qy         3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3517 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3576

Qy         3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3577 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3636

Qy         3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3637 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3696

Qy         3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
                ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3697 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3728


RESULT 2
US-11-266-748A-23750
; Sequence 23750, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 23750
;   LENGTH: 6189
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-23750

  Query Match             89.2%;  Score 3387.2;  DB 8;  Length 6189;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3389;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db          577 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 636

Qy          463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          637 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 696

Qy          523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          697 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 756

Qy          583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          757 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 816

Qy          643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          817 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 876

Qy          703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          877 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 936

Qy          763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      937 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 996

Qy      823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      997 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 1056

Qy      883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1057 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 1116

Qy      943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1117 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1176

Qy     1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1177 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1236

Qy     1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1237 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1296

Qy     1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1297 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1356

Qy     1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1357 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1416

Qy     1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1417 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1476

Qy     1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1477 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1536

Qy     1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1537 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1596

Qy     1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1597 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1656

Qy     1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1657 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1716

Qy     1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1717 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1776

Qy     1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1777 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1836

Qy     1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1837 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1896

Qy     1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1897 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1956

Qy     1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1957 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 2016

Qy     1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2017 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 2076

Qy     1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2077 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 2136

Qy     1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2137 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2196

Qy     2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db     2197 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2256

Qy     2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2257 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2316

Qy     2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2317 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2376

Qy     2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2377 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2436

Qy     2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2437 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2496

Qy     2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2497 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2556

Qy     2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2557 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2616

Qy     2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2617 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2676

Qy     2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2677 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2736

Qy     2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622
            ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2737 AGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2796

Qy     2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2797 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2856

Qy     2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2857 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2916

Qy     2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2917 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2976

Qy     2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2977 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 3036

Qy     2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3037 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 3096

Qy     2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3097 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3156
```

```
Qy      2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3157 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3216

Qy      3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3217 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3276

Qy      3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3277 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3336

Qy      3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3337 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3396

Qy      3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3397 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3456

Qy      3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3457 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3516

Qy      3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3517 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3576

Qy      3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3577 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3636

Qy      3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3637 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3696

Qy      3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3697 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3756

Qy      3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3757 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3816

Qy      3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3817 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3876

Qy      3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3877 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3936

Qy      3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
             ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3937 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3968
```

```
RESULT 3
US-11-266-748A-29428
; Sequence 29428, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 29428
;   LENGTH: 4134
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-29428

  Query Match             47.8%;  Score 1813.4;  DB 8;  Length 4134;
  Best Local Similarity   72.3%;  Pred. No. 0;
  Matches 2395;  Conservative    0;  Mismatches  891;  Indels   27;  Gaps    2;

Qy       383 TCCCTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAG 442
             || | |  ||  |    |  |||||||||  |||| || || || ||| | || || |||
Db       657 TCTCCCCTGCACTTCGCTGCAGGTTTTGGAAGGAAGGATGTTGTAGAACACTTACTACAG 716

Qy       443 AATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGC 502
             |  ||||| | |||||| || ||||||||||| || || || || ||||||||||| ||
Db       717 ATGGGTGCTAATGTCCACGCTCGTGATGATGGAGGTCTCATCCCGCTTCATAATGCCTGT 776

Qy       503 TCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCT 562
             |||||||| |||||||| || || | |||  | ||| | || || || || || |||||
Db       777 TCTTTTGGCCATGCTGAGGTTGTGAGTCTGTTATTGTGCCAAGGAGCTGATCCAAATGCC 836

Qy       563 CGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTT 622
              | ||||| ||||| ||||| ||||| ||||||||||| |||||||| ||||| |||||
Db       837 AGGGATAACTGGAACTATACACCTCTGCATGAAGCTGCTATTAAAGGGAAGATCGATGTG 896

Qy       623 TGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACA 682
             |||||||||||| | ||||| |||||||| |||| ||| || || || ||||| |   ||
Db       897 TGCATTGTGCTGCTGCAGCACGGAGCTGACCCAAACATTCGGAACACTGATGGGAAATCA 956

Qy       683 GCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGAT 742
             ||  ||||  | |||||||| || || ||||| || ||||| |||||||| ||||||||
Db       957 GCCCTGGACCTGGCAGATCCTTCAGCAAAAGCTGTCCTTACAGGTGAATACAAGAAAGAC 1016

Qy       743 GAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCA 802
             |||||| |||||  ||| |||||||| |||||||||||| | |||||| |||| || ||
Db      1017 GAACTCCTAGAAGCTGCTAGGAGTGGTAATGAAGAAAAACTAATGGCTTTACTGACTCCT 1076

Qy       803 TTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCA 862
              ||||||| || ||||| |||||||||||  ||||||| ||||| |||||| | |||||
Db      1077 CTAAATGTGAATTGCCATGCAAGTGATGGGCGAAAGTCGACTCCTTTACATCTAGCAGCG 1136

Qy       863 GGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCT 922
             || || ||||||||    || || |||||  | || || ||||| |||||||| |||||
Db      1137 GGCTACAACAGAGTTCGAATAGTTCAGCTTCTTCTTCAGCATGGTGCTGATGTTCATGCA 1196

Qy       923 AAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTA 982
             ||||| |||||||  || || ||  | || ||||| ||||| ||||| |||||||||||
Db      1197 AAAGACAAAGGTGGACTTGTGCCTCTTCATAATGCATGTTCATATGGACATTATGAAGTC 1256

Qy       983 ACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACT 1042
             || |||||  |  | |||||||| || ||||| ||||| |||||  | ||||| || |||
Db      1257 ACAGAACTGCTACTAAAGCATGGAGCTTGTGTTAATGCCATGGATCTCTGGCAGTTTACT 1316

Qy      1043 CCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTAT 1102
             || || || ||||| ||||| |||||| | || ||||| || ||| |  |  | ||  ||
Db      1317 CCACTGCACGAGGCTGCTTCCAAGAACCGTGTAGAAGTCTGCTCTTTGTTACTTAGCCAT 1376
```

```
Qy       1103 GGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACA 1162
Db       1377 GGCGCTGATCCTACGTTAGTCAACTGCCATGGCAAAAGTGCTGTGGATATGGCTCCAACT 1436
Qy       1163 CCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCA 1222
Db       1437 CCGGAGCTTAGGGAGAGATTGACTTATGAATTTAAAGGTCATTCTTTACTACAAGCAGCC 1496
Qy       1223 CGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAG 1282
Db       1497 AGAGAAGCAGACTTAGCTAAAGTTAAAAAAACACTCGCTCTGGAAATCATTAATTTCAAA 1556
Qy       1283 CATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGA 1342
Db       1557 CAACCGCAGTCTCATGAAACAGCACTGCACTGTGCTGTGGCCTCTCTGCATCCCAAACGT 1616
Qy       1343 AAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAA 1402
Db       1617 AAACAAGTGACAGAATTGTTACTTAGAAAAGGAGCAAATGTTAATGAAAAAAATAAAGAT 1676
Qy       1403 TTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTG 1462
Db       1677 TTCATGACTCCCCTGCATGTTGCAGCCGAAAGAGCCCATAATGATGTCATGGAAGTTCTG 1736
Qy       1463 GTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGA 1522
Db       1737 CATAAGCATGGCGCCAAGATGAATGCACTGGACACCCTTGGTCAGACTGCTTTGCATAGA 1796
Qy       1523 GCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCT 1582
Db       1797 GCCGCCCTAGCAGGCCACCTGCAGACCTGCCGCCTCCTGCTGAGTTACGGCTCTGACCCC 1856
Qy       1583 AACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAA 1642
Db       1857 TCCATCATCTCCTTACAAGGCTTCACAGCAGCACAGATGGGCAATGAAGCAGTGCAGCAG 1916
Qy       1643 CTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCT 1702
Db       1917 ATTCTGAGTGAGAGTACACCTATACGTACTTCTGATGTTGATTATCGACTCTTAGAGGCA 1976
Qy       1703 GCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGC 1762
Db       1977 TCTAAAGCTGGAGACTTGGAAACTGTGAAGCAACTTTGCAGCTCTCAAAATGTGAATTGT 2036
Qy       1763 AGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTG 1822
Db       2037 AGAGACTTAGAGGGCCGGCATTCCACGCCCTTACACTTCGCAGCAGGCTACAACCGCGTG 2096
Qy       1823 TCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGC 1882
Db       2097 TCTGTTGTAGAGTACCTGCTACACCACGGTGCCGATGTCCATGCCAAAGACAAGGGTGGC 2156
Qy       1883 CTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTT 1942
Db       2157 TTGGTGCCCCTTCATAATGCCTGTTCATATGGACACTATGAGGTGGCTGAGCTTTTAGTA 2216
Qy       1943 AAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCA 2002
Db       2217 AGGCATGGGGCTTCTGTCAATGTGGCGGACTTATGGAAATTTACCCCTCTCCATGAAGCA 2276
Qy       2003 GCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACC 2062
Db       2277 GCAGCTAAAGGAAAGTATGAAATCTGCAAGCTCCTTTTAAAACATGGAGCAGATCCAACT 2336
Qy       2063 AAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATT 2122
Db       2337 AAAAAGAACAGAGATGGAAATACACCTTTGGATTTGGTAAAGGAAGGAGACACAGATATT 2396
Qy       2123 CAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCC 2182
Db       2397 CAGGACTTACTGAAAGGGGATGCTGCTTTGTTGGATGCTGCCAAGAAGGGCTGCCTGGCA 2456
Qy       2183 AGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACAT 2242
```

```
Db       2457 AGAGTGCAGAAGCTCTGTACCCCAGAGAATATCAACTGCAGAGACACCCAGGGCAGAAAT 2516
Qy       2243 TCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTA 2302
Db       2517 TCAACCCCTCTGCACCTGGCAGCAGGCTATAATAACCTGGAAGTAGCTGAATATCTTCTA 2576
Qy       2303 CAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCA 2362
Db       2577 GAGCATGGAGCTGATGTTAATGCCCAGGACAAGGGTGGTTTAATTCCTCTTCATAATGCG 2636
Qy       2363 GCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAAT 2422
Db       2637 GCATCTTATGGGCATGTTGACATAGCGGCTTTATTGATAAAATACAACACGTGTGTAAAT 2696
Qy       2423 GCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAG 2482
Db       2697 GCAACAGATAAGTGGGCGTTTACTCCCCTCCATGAAGCAGCCCAGAAAGGAAGGACGCAG 2756
Qy       2483 CTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAA 2542
Db       2757 CTGTGCGCCCTCCTCCTAGCGCATGGTGCAGACCCCACCATGAAGAACCAGGAAGGCCAG 2816
Qy       2543 ACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCC 2602
Db       2817 ACGCCTCTGGATCTGGCAACAGCTGACGATATCAGAGCTTTGCTGATAGATGCCATGCCC 2876
Qy       2603 CCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGA 2662
Db       2877 CCAGAGGCCTTACCTACCTGTTTTAAACCTCAGG---------------------CTACT 2915
Qy       2663 GCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGC 2722
Db       2916 GTAGTGAGTGCCTCTCTGATCTCACCAGCATCCACCCCCTCCTGCCTCTCGGCTGCCAGC 2975
Qy       2723 AGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGA 2782
Db       2976 AGCATAGACAACCTCACTGGCCCTTTAGCAGAGTTGGCCGTAGGAGGAGCCTCCAATGCA 3035
Qy       2783 ACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAG------GAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGC 2836
Db       3036 GGGGATGGCGCCGCGGGAACAGAAAGGAAGGAAGGAGAAGTTGCTGGTCTTGACATGAAT 3095
Qy       2837 ATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAA 2896
Db       3096 ATCAGCCAATTTCTAAAAAGCCTTGGCCTTGAACACCTTCGGGATATCTTTGAAACAGAA 3155
Qy       2897 CAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATC 2956
Db       3156 CAGATTACACTAGATGTGTTGGCTGATATGGGTCATGAAGAGTTGAAAGAAATAGGCATC 3215
Qy       2957 AATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAA 3016
Db       3216 AATGCATATGGGCACCGCCACAAATTAATCAAAGGAGTAGAAAGACTCTTAGGTGGACAA 3275
Qy       3017 CAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGAT 3076
Db       3276 CAAGGCACCAATCCTTATTTGACTTTTCACTGTGTTAATCAGGGAACGATTTTGCTGGAT 3335
Qy       3077 CTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGA 3136
Db       3336 CTTGCTCCAGAAGATAAAGAATATCAGTCAGTGGAAGAAGAGATGCAAAGTACTATTCGA 3395
Qy       3137 GAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATT 3196
Db       3396 GAACACAGAGATGGTGGTAATGCTGGCGGCATCTTCAACAGATACAATGTCATTCGAATT 3455
Qy       3197 CAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCT 3256
Db       3456 CAAAAAGTTGTCAACAAGAAGTTGAGGGAGCGGTTCTGCCACCGACAGAAGGAAGTGTCT 3515
Qy       3257 GAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAAT 3316
```

```
Db    3516 GAGGAGAATCACAACCATCACAATGAGCGCATGTTGTTTCATGGTTCTCCTTTCATTAAT 3575

Qy    3317 GCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCT 3376
           || ||||| || ||||| ||||||||  | ||||| |||||||| || |||||||| ||
Db    3576 GCCATTATTCATAAAGGGTTTGATGAGCGACATGCATACATAGGAGGAATGTTTGGGGCC 3635

Qy    3377 GGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGA 3436
           || |||||||||||||||||||| || |||||||| |||||||| |||||||||||||||
Db    3636 GGGATTTATTTTGCTGAAAACTCCTCAAAAAGCAACCAATATGTTTATGGAATTGGAGGA 3695

Qy    3437 GGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTC 3496
           || || || || ||    ||||| ||||| || || || || || ||||| ||  |||||
Db    3696 GGAACAGGCTGCCCTACACACAAGGACAGGTCATGCTATATATGTCACAGACAAATGCTC 3755

Qy    3497 TTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACAT 3556
           || ||  | || ||| | || || || || |||||||| ||  | ||||||||||| ||
Db    3756 TTCTGTAGAGTGACCCTTGGGAAATCCTTTCTGCAGTTTAGCACCATGAAAATGGCCCAC 3815

Qy    3557 TCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCT 3616
            | |||||||| || |||||||||| |||||| || || || ||||| || ||||  |||
Db    3816 GCGCCTCCAGGGCACCACTCAGTCATTGGTAGACCGAGCGTCAATGGGCTGGCATATGCT 3875

Qy    3617 GAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATT 3676
           |||||||| || ||||||||||||||||| || || |||||| | || |||||||||||
Db    3876 GAATATGTCATCTACAGAGGAGAACAGGCATACCCAGAGTATCTTATCACTTACCAGATC 3935

Qy    3677 ATGAGGCCTGAAG 3689
           |||| ||| ||||
Db    3936 ATGAAGCCAGAAG 3948


RESULT 4
US-11-266-748A-22929
; Sequence 22929, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 22929
;   LENGTH: 8901
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-22929

  Query Match             47.3%;  Score 1794.8;  DB 8;  Length 8901;
  Best Local Similarity   72.5%;  Pred. No. 0;
  Matches 2365;  Conservative    0;  Mismatches  872;  Indels   27;  Gaps    2;

Qy     432 ATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTC 491
           | || || ||||  ||||| | |||||| || ||||||||||| || || || || ||||
Db       2 ACTTACTACAGATGGGTGCTAATGTCCACGCTCGTGATGATGGAGGTCTCATCCCGCTTC 61

Qy     492 ATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAG 551
           ||||||| || |||||||| |||||||| || || | |||  | ||| | || || || |
Db      62 ATAATGCCTGTTCTTTTGGCCATGCTGAGGTTGTGAGTCTGTTATTGTGCCAAGGAGCTG 121

Qy     552 ACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAA 611
           | || |||||  | ||||| ||||| ||||| |||||| |||||||||| |||||||| |
Db     122 ATCCAAATGCCAGGGATAACTGGAACTATACACCTCTGCATGAAGCTGCTATTAAAGGGA 181

Qy     612 AGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAG 671
           |||| ||||| |||||||||||| | ||||| |||||||| |||| ||| || || || |
Db     182 AGATCGATGTGTGCATTGTGCTGCTGCAGCACGGAGCTGACCCAAACATTCGGAACACTG 241

Qy     672 ATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAAT 731
           |||| |   ||||  ||||  | ||||||||| || || ||||| || ||||| |||||||
Db     242 ATGGGAAATCAGCCCTGGACCTGGCAGATCCTTCAGCAAAAGCTGTCCTTACAGGTGAAT 301

Qy     732 ATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTC 791
           | |||||||| |||||| |||||  ||| |||||||| |||||||||||| | ||||||
Db     302 ACAAGAAAGACGAACTCCTAGAAGCTGCTAGGAGTGGTAATGAAGAAAAACTAATGGCTT 361

Qy     792 TACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTAC 851
           |||| || ||  ||||||| || ||||| |||||||||||  ||||||| ||||| ||||
Db     362 TACTGACTCCTCTAAATGTGAATTGCCATGCAAGTGATGGGCGAAAGTCGACTCCTTTAC 421

Qy     852 ATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTG 911
           || | ||||| || || ||||||||    || || |||||  | || || ||||| ||||
Db     422 ATCTAGCAGCGGGCTACAACAGAGTTCGAATAGTTCAGCTTCTTCTTCAGCATGGTGCTG 481

Qy     912 ATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTC 971
           |||| ||||| ||||| |||||||  || || ||  | || ||||| ||||| ||||| |
Db     482 ATGTTCATGCAAAAGACAAAGGTGGACTTGTGCCTCTTCATAATGCATGTTCATATGGAC 541

Qy     972 ATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGT 1031
           |||||||||| || |||||  |  | |||||||| || ||||| ||||| |||||  | |
Db     542 ATTATGAAGTCACAGAACTGCTACTAAAGCATGGAGCTTGTGTTAATGCCATGGATCTCT 601

Qy    1032 GGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTC 1091
           |||| || ||||| || || ||||| ||||| |||||| | || ||||| || ||| |
Db     602 GGCAGTTTACTCCACTGCACGAGGCTGCTTCCAAGAACCGTGTAGAAGTCTGCTCTTTGT 661

Qy    1092 TCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACT 1151
           |  | ||  |||| || || || ||  |  |||| || ||    ||||||||| | ||
Db     662 TACTTAGCCATGGCGCTGATCCTACGTTAGTCAACTGCCATGGCAAAAGTGCTGTGGATA 721

Qy    1152 TGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGC 1211
           ||||||| || ||  || | |  || |||||  | |||||||||||||| || || || |
Db     722 TGGCTCCAACTCCGGAGCTTAGGGAGAGATTGACTTATGAATTTAAAGGTCATTCTTTAC 781

Qy    1212 TGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGG 1271
           | ||||| ||  ||||||| ||  |  ||  | | ||||||   ||| ||||||||||
Db     782 TACAAGCAGCCAGAGAAGCAGACTTAGCTAAAGTTAAAAAAACACTCGCTCTGGAAATCA 841

Qy    1272 TGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCAT 1331
           | |||||||| || || ||  | |||||||||||| |||| |||||||  || ||||
Db     842 TTAATTTCAAACAACCGCAGTCTCATGAAACAGCACTGCACTGTGCTGTGGCCTCTCTGC 901

Qy    1332 ATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAA 1391
           |||||||| | || ||| |    ||| |||| || |||||||||||||| | |||||||
Db     902 ATCCCAAACGTAAACAAGTGACAGAATTGTTACTTAGAAAAGGAGCAAATGTTAATGAAA 961

Qy    1392 AGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTG 1451
           | | |||||| ||| ||||||| ||||| || ||| | || | ||| |||||||||||
Db     962 AAAATAAAGATTTCATGACTCCCCTGCATGTTGCAGCCGAAAGAGCCCATAATGATGTCA 1021

Qy    1452 TTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTT 1511
           | |||||  ||   || ||||  || ||| | ||||| ||||| |  ||||||||||||
Db    1022 TGGAAGTTCTGCATAAGCATGGCGCCAAGATGAATGCACTGGACACCCTTGGTCAGACTG 1081

Qy    1512 CTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATG 1571
           || | || ||||| ||       || || || || ||||||||||| || ||||| || |
Db      1082 CTTTGCATAGAGCCGCCCTAGCAGGCCACCTGCAGACCTGCCGCCTCCTGCTGAGTTACG 1141

Qy      1572 GGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAA 1631
             | | ||| ||   ||| || ||| | || ||||| || ||   ||||||||| ||||||
Db      1142 GCTCTGACCCCTCCATCATCTCCTTACAAGGCTTCACAGCAGCACAGATGGGCAATGAAG 1201

Qy      1632 ATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAAT 1691
               || |||||  | ||    ||| |||   |  || ||| ||| || |  ||    | |
Db      1202 CAGTGCAGCAGATTCTGAGTGAGAGTACACCTATACGTACTTCTGATGTTGATTATCGAC 1261

Qy      1692 TGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGA 1751
             |  | || ||  | || ||||||||  | |||||||| ||  |||| || |    ||| |
Db      1262 TCTTAGAGGCATCTAAAGCTGGAGACTTGGAAACTGTGAAGCAACTTTGCAGCTCTCAAA 1321

Qy      1752 GTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGT 1811
              ||| || || |||||| | || || || || || || ||  | || || ||||| || |
Db      1322 ATGTGAATTGTAGAGACTTAGAGGGCCGGCATTCCACGCCCTTACACTTCGCAGCAGGCT 1381

Qy      1812 ATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAG 1871
             | ||| | ||||| || || || || |||||||| || || || ||||| ||||| ||||
Db      1382 ACAACCGCGTGTCTGTTGTAGAGTACCTGCTACACCACGGTGCCGATGTCCATGCCAAAG 1441

Qy      1872 ATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAG 1931
             | || || ||| | || ||  | || ||||| ||||| |||||||| ||||| || || |
Db      1442 ACAAGGGTGGCTTGGTGCCCCTTCATAATGCCTGTTCATATGGACACTATGAGGTGGCTG 1501

Qy      1932 AACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTT 1991
             | ||| | || |  ||||| ||    || ||||| || || |||||||||||||| |||
Db      1502 AGCTTTTAGTAAGGCATGGGGCTTCTGTCAATGTGGCGGACTTATGGAAATTTACCCCTC 1561

Qy      1992 TACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTG 2051
             | |||||||||||||| |||||||| |||||||| ||||| || ||  |  | ||||| |
Db      1562 TCCATGAAGCAGCAGCTAAAGGAAAGTATGAAATCTGCAAGCTCCTTTTAAAACATGGAG 1621

Qy      2052 CAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAG 2111
             |||| || || ||||| ||||| ||||||||||| ||||||||| | || || || ||||
Db      1622 CAGATCCAACTAAAAAGAACAGAGATGGAAATACACCTTTGGATTTGGTAAAGGAAGGAG 1681

Qy      2112 ATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGG 2171
             | ||||||||||| ||  | || |  || ||||| ||||||| | ||||||||||||||||
Db      1682 ACACAGATATTCAGGACTTACTGAAAGGGGATGCTGCTTTGTTGGATGCTGCCAAGAAGG 1741

Qy      2172 GTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCC 2231
             | ||  | || |||||| ||||| | | | | || || ||| | || ||| | || ||||
Db      1742 GCTGCCTGGCAAGAGTGCAGAAGCTCTGTACCCCAGAGAATATCAACTGCAGAGACACCC 1801

Qy      2232 AAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAG 2291
             | |||||| ||||||| ||| | ||  | ||||| || ||||||||  | ||||| || |
Db      1802 AGGGCAGAAATTCAACCCCTCTGCACCTGGCAGCAGGCTATAATAACCTGGAAGTAGCTG 1861

Qy      2292 AGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTT 2351
             | ||| |  || | || ||||||||||| |||||||| ||||| || ||  | ||||||
Db      1862 AATATCTTCTAGAGCATGGAGCTGATGTTAATGCCCAGGACAAGGGTGGTTTAATTCCTC 1921

Qy      2352 TACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATG 2411
             | |||||||| |||||||| |||||||| ||  |||| ||| || | ||||| || ||
Db      1922 TTCATAATGCGGCATCTTATGGGCATGTTGACATAGCGGCTTTATTGATAAAATACAACA 1981

Qy      2412 CATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGG 2471
             | ||||| ||||| || || || ||||| || || ||  | || ||||||||||| || |
Db      1982 CGTGTGTAAATGCAACAGATAAGTGGGCGTTTACTCCCCTCCATGAAGCAGCCCAGAAAG 2041

Qy      2472 GACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATC 2531
             || | || ||||| || ||  |  | ||||| ||||| || ||||| ||  | || || |
Db      2042 GAAGGACGCAGCTGTGCGCCCTCCTCCTAGCGCATGGTGCAGACCCCACCATGAAGAACC 2101

Qy      2532 AGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAG 2591
             ||||||| || || ||| | ||| | |   |||| || ||| |||| ||| | |||| ||
Db      2102 AGGAAGGCCAGACGCCTCTGGATCTGGCAACAGCTGACGATATCAGAGCTTTGCTGATAG 2161

Qy      2592 CAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGA 2651
               ||||||||||||   ||  | ||  | ||||  || ||||| |
Db      2162 ATGCCATGCCCCCAGAGGCCTTACCTACCTGTTTTAAACCTCAGG--------------- 2206

Qy      2652 GAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTT 2711
                   |    |        |   ||||    |||    |||| | ||| ||  |||| |
Db      2207 ------CTACTGTAGTGAGTGCCTCTCTGATCTCACCAGCATCCACCCCCTCCTGCCTCT 2260

Qy      2712 CTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTA 2771
             | || ||||||||  | |||||| |  ||||   |||  ||||  || |   || ||
Db      2261 CGGCTGCCAGCAGCATAGACAACCTCACTGGCCCTTTAGCAGAGTTGGCCGTAGGAGGAG 2320

Qy      2772 GTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAG------GAGGTTCCAGGAG 2825
               || | || |   || || ||  |  |    || |  |||      || ||| | ||
Db      2321 CCTCCAATGCAGGGGATGGCGCCGCGGGAACAGAAAGGAAGGAAGGAGAAGTTGCTGGTC 2380

Qy      2826 TAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATAT 2885
             | ||  | |  || |  |||||  |||  |  ||||| ||||| |||||   |||||| |
Db      2381 TTGACATGAATATCAGCCAATTTCTAAAAAGCCTTGGCCTTGAACACCTTCGGGATATCT 2440

Qy      2886 TTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGG 2945
             |||| | ||||||||| ||  | ||||| || | ||| ||||| ||  | ||| |||| |
Db      2441 TTGAAACAGAACAGATTACACTAGATGTGTTGGCTGATATGGGTCATGAAGAGTTGAAAG 2500

Qy      2946 AGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTA 3005
             | || || |||||||| ||||| ||  | |||||| |||| |||||||| || |||||
Db      2501 AAATAGGCATCAATGCATATGGGCACCGCCACAAATTAATCAAAGGAGTAGAAAGACTCT 2560

Qy      3006 TCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAA 3065
             |    |||||||||||    || || ||||| |||||  ||     |  |   ||||| |
Db      2561 TAGGTGGACAACAAGGCACCAATCCTTATTTGACTTTTCACTGTGTTAATCAGGGAACGA 2620

Qy      3066 TTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAA 3125
             || |  | |||||  |||| || |||||||| | |||||| ||||| |||||||||||||
Db      2621 TTTTGCTGGATCTTGCTCCAGAAGATAAAGAATATCAGTCAGTGGAAGAAGAGATGCAAA 2680

Qy      3126 GTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATA 3185
             ||||  ||||||| |||||||||||| ||| |||| || || ||||||||||||||||||
Db      2681 GTACTATTCGAGAACACAGAGATGGTGGTAATGCTGGCGGCATCTTCAACAGATACAATG 2740

Qy      3186 TTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAA 3245
             |  |    ||||| || |||   ||||||||  |  ||||  | | |   |||||    |
Db      2741 TCATTCGAATTCAAAAAGTTGTCAACAAGAAGTTGAGGGAGCGGTTCTGCCACCGACAGA 2800

Qy      3246 AAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTC 3305
             | ||||| ||||| || || |||||||||  |||||| || ||| | |||||||| ||||
Db      2801 AGGAAGTGTCTGAGGAGAATCACAACCATCACAATGAGCGCATGTTGTTTCATGGTTCTC 2860

Qy      3306 CTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTA 3365
             ||||  | ||||| ||||| || ||||| ||||||||  | ||||| |||||||| || |
Db      2861 CTTTCATTAATGCCATTATTCATAAAGGGTTTGATGAGCGACATGCATACATAGGAGGAA 2920

Qy      3366 TGTTTGGAGCTGGCATTTATTTGCTGAAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATG 3425
             ||||||| || || |||||||||||||||||||| || |||||||| |||||||| ||||
Db      2921 TGTTTGGGGCCGGGATTTATTTGCTGAAAAACTCCTCAAAAAGCAACCAATATGTTTATG 2980

Qy      3426 GAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACA 3485
             ||||||||||||| || || || ||    ||||| ||||| || || || || || ||||
Db      2981 GAATTGGAGGAGGAACAGGCTGCCCTACACACAAGGACAGGTCATGCTATATATGTCACA 3040

Qy      3486 GGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGA 3545
             | ||  |||||||| ||  | || ||| | || || || || |||||||| ||  | ||||
Db      3041 GACAAATGCTCTTCTGTAGAGTGACCCTTGGGAAATCCTTTCTGCAGTTTAGCACCATGA 3100

Qy      3546 AAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCC 3605
             ||||||| ||  | |||||||| || |||||||||| |||||| || || || ||||| |
Db      3101 AAATGGCCCACGCGCCTCCAGGGCACCACTCAGTCATTGGTAGACCGAGCGTCAATGGGC 3160

Qy      3606 TAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTA 3665
             | ||||  ||||||||||| || ||||||||||||||||| || || |||||| | || |
Db      3161 TGGCATATGCTGAATATGTCATCTACAGAGGAGAACAGGCATACCCAGAGTATCTTATCA 3220

Qy      3666 CTTACCAGATTATGAGGCCTGAAG 3689
             |||||||||| |||| ||| ||||
Db      3221 CTTACCAGATCATGAAGCCAGAAG 3244
```

```
RESULT 5
US-11-266-748A-251004
; Sequence 251004, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 251004
;   LENGTH: 675
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-251004

  Query Match             17.5%;  Score 663.8;  DB 8;  Length 675;
  Best Local Similarity   99.0%;  Pred. No. 1.5e-175;
  Matches  668;  Conservative    0;  Mismatches    7;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       2417 GTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGA 2476
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGA 60

Qy       2477 ACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAA 2536
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 ACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAA 120

Qy       2537 GGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCC 2596
              ||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCC 180

Qy       2597 ATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGC 2656
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGC 240

Qy       2657 CCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCA 2716
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 CCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCA 300

Qy       2717 GCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCA 2776
              |||| ||||||||||||||||||||||||| ||||| |||||||||||||||||||||||
Db        301 GCCACCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTGTTTCAAAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCA 360

Qy       2777 AGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGC 2836
              ||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||| |||||||||||||
Db        361 AGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGACAAAAAGGAGGTTCCAGCAGTAGATTTTAGC 420

Qy       2837 ATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAA 2896
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 ATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAA 480

Qy       2897 CAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATC 2956
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Db        481 CAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAAGAGATTGGAATC 540

Qy       2957 AATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAA 3016
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 AATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAA 600

Qy       3017 CAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGAT 3076
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGAT 660

Qy       3077 CTGTCTCCTGATGAT 3091
              |||||||||||||||
Db        661 CTGTCTCCTGATGAT 675


RESULT 6
US-11-266-748A-311521/c
; Sequence 311521, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 311521
;   LENGTH: 675
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-311521

  Query Match             17.5%;  Score 663.8;  DB 8;  Length 675;
  Best Local Similarity   99.0%;  Pred. No. 1.5e-175;
  Matches  668;  Conservative    0;  Mismatches    7;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       2417 GTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGA 2476
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        675 GTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGA 616

Qy       2477 ACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAA 2536
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        615 ACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAA 556

Qy       2537 GGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCC 2596
              ||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db        555 GGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCC 496

Qy       2597 ATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGC 2656
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        495 ATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGC 436

Qy       2657 CCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCA 2716
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        435 CCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCA 376

Qy       2717 GCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCA 2776
              |||| ||||||||||||||||||||||||| ||||| |||||||||||||||||||||||
Db        375 GCCACCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTGTTTCAAAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCA 316

Qy       2777 AGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGC 2836
              ||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||| ||||||||||||||
Db        315 AGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGACAAAAAGGAGGTTCCAGCAGTAGATTTTAGC 256

Qy       2837 ATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAA 2896
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        255 ATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAA 196

Qy       2897 CAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATC 2956
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Db        195 CAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAAGAGATTGGAATC 136

Qy       2957 AATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAA 3016
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        135 AATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAA 76

Qy       3017 CAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGAT 3076
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         75 CAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGAT 16

Qy       3077 CTGTCTCCTGATGAT 3091
              |||||||||||||||
Db         15 CTGTCTCCTGATGAT 1


RESULT 7
US-11-266-748A-99554
; Sequence 99554, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 99554
;   LENGTH: 594
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-99554

 Query Match             15.0%;  Score 570;  DB 8;  Length 594;
 Best Local Similarity   99.7%;  Pred. No. 3e-149;
 Matches  592;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    2;  Gaps    2;

Qy       3194 ATTCAGAAGGTTTGTAACAAG-AAACTATGGGAAAGATACACTCACCGG-AGAAAAGAAG 3251
              ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Db          1 ATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAAGAAAAGAAG 60

Qy       3252 TTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTG 3311
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 TTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTG 120

Qy       3312 TGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTG 3371
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 TGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTG 180

Qy       3372 GAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTG 3431
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTG 240

Qy       3432 GAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGC 3491
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGC 300

Qy       3492 TGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGG 3551
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGG 360

Qy       3552 CACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCAT 3611
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 CACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCAT 420

Qy       3612 TAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACC 3671
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 TAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACC 480

Qy       3672 AGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCC 3731
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 AGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCC 540

Qy       3732 ACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCT 3785
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCT 594


RESULT 8
US-11-266-748A-152365/c
; Sequence 152365, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 152365
;   LENGTH: 594
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-152365

  Query Match             15.0%;  Score 570;  DB 8;  Length 594;
  Best Local Similarity   99.7%;  Pred. No. 3e-149;
  Matches  592;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    2;  Gaps    2;

Qy       3194 ATTCAGAAGGTTTGTAACAAG-AAACTATGGGAAAGATACACTCACCGG-AGAAAAGAAG 3251
              ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Db        594 ATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAAGAAAAGAAG 535

Qy       3252 TTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTG 3311
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        534 TTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTG 475

Qy       3312 TGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTG 3371
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        474 TGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTG 415

Qy       3372 GAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTG 3431
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        414 GAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTG 355

Qy       3432 GAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGC 3491
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        354 GAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGC 295

Qy       3492 TGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGG 3551
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        294 TGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGG 235

Qy       3552 CACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCAT 3611
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        234 CACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCAT 175

Qy       3612 TAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACC 3671
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        174 TAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACC 115

Qy       3672 AGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCC 3731
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        114 AGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCC 55

Qy       3732 ACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCT 3785
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         54 ACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCT 1

RESULT 9
US-11-266-748A-189602
; Sequence 189602, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
```

```
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 189602
;   LENGTH: 929
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-189602

  Query Match             14.1%;  Score 535.6;  DB 8;  Length 929;
  Best Local Similarity   74.0%;  Pred. No. 1.7e-139;
  Matches  679;  Conservative    0;  Mismatches  239;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1688 CAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTT 1747
              | | |  | || ||  | || ||||||||  | |||||||| ||  |||| || |    |
Db         12 CGACTCTTAGAGGCATCTAAAGCTGGAGACTTGGAAACTGTGAAGCAACTTTGCAGCTCT 71

Qy       1748 CAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCT 1807
              || | ||| || || |||||| | || || || || || || ||  | || || |||||
Db         72 CAAAATGTGAATTGTAGAGACTTAGAGGGCCGGCATTCCACGCCCTTACACTTCGCAGCA 131

Qy       1808 GGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCT 1867
              || || ||| | ||||| || || || || |||||||| || || || ||||| |||||
Db        132 GGCTACAACCGCGTGTCTGTTGTAGAGTACCTGCTACACCACGGTGCCGATGTCCATGCC 191

Qy       1868 AAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTT 1927
              ||||| || || ||| | || ||   | || ||||| ||||| |||||||| ||||| ||
Db        192 AAAGACAAGGGTGGCTTGGTGCCCCTTCATAATGCCTGTTCATATGGACACTATGAGGTG 251

Qy       1928 GCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACA 1987
              || || ||| | || |  ||||| ||    || ||||| || || ||||||||||||||
Db        252 GCTGAGCTTTTAGTAAGGCATGGGGCTTCTGTCAATGTGGCGGACTTATGGAAATTTACC 311

Qy       1988 CCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCAT 2047
              ||| | |||||||||||||| |||||||| |||||||| ||||| || ||  |  | |||
Db        312 CCTCTCCATGAAGCAGCAGCTAAAGGAAAGTATGAAATCTGCAAGCTCCTTTTAAAACAT 371

Qy       2048 GGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGAT 2107
              || ||||| || || ||||| ||||| ||||||||||| ||||||||| | || || ||
Db        372 GGAGCAGATCCAACTAAAAAGAACAGAGATGGAAATACACCTTTGGATTTGGTAAAGGAA 431

Qy       2108 GGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAG 2167
              ||||| ||||||||||| ||  | || || || ||||| |||||| | ||||||||||||
Db        432 GGAGACACAGATATTCAGGACTTACTGAGAGGGGATGCTGCTTTGTTGGATGCTGCCAAG 491

Qy       2168 AAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGAT 2227
              ||||| ||  | || |||||| ||||| | | | | || || ||| | || ||| | ||
Db        492 AAGGGCTGCCTGGCAAGAGTGCAGAAGCTCTGTACCCCAGAGAATATCAACTGCAGAGAC 551

Qy       2228 ACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTT 2287
              ||||| |||||| ||||||| ||| | ||  | ||||| || ||||||||  | |||||
Db        552 ACCCAGGGCAGAAATTCAACCCCTCTGCACCTGGCAGCAGGCTATAATAACCTGGAAGTA 611

Qy       2288 GCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATT 2347
              || || ||| |  || | || ||||||||||| |||||||| ||||| || ||  | |||
Db        612 GCTGAATATCTTCTAGAGCATGGAGCTGATGTTAATGCCCAGGACAAGGGTGGTTTAATT 671

Qy       2348 CCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTAT 2407
              ||| | |||||||| |||||||| |||||||| ||  |||| ||| || | ||||| ||
Db        672 CCTCTTCATAATGCGGCATCTTATGGGCATGTTGACATAGCGGCTTTATTGATAAAATAC 731

Qy       2408 AATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAA 2467
              ||  | ||||| ||||| || || || ||||| || || ||  | || |||||||||||
Db        732 AACACGTGTGTAAATGCAACAGATAAGTGGGCGTTTACTCCCCTCCATGAAGCAGCCCAG 791
```

```
Qy       2468 AAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAA 2527
              || ||| | || ||||| || ||  |  | ||||| ||||| || ||||| ||  | || 
Db        792 AAAGGAAGGACGCAGCTGTGCGCCCTCCTCCTAGCGCATGGTGCAGACCCCACCATGAAG 851

Qy       2528 AATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTG 2587
              || |||||||| || || ||| | ||| | |   |||| || ||| |||| ||| | |||
Db        852 AACCAGGAAGGCCAGACGCCTCTGGATCTGGCAACAGCTGACGATATCAGAGCTTTGCTG 911

Qy       2588 ACAGCAGCCATGCCCCCA 2605
              | ||  ||||||||||||
Db        912 ATAGATGCCATGCCCCCA 929


RESULT 10
US-11-266-748A-55144
; Sequence 55144, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 55144
;   LENGTH: 564
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-55144

  Query Match             14.1%;  Score 533.6;  DB 8;  Length 564;
  Best Local Similarity   99.3%;  Pred. No. 4.7e-139;
  Matches  536;  Conservative    0;  Mismatches    4;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       3255 CTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGA 3314
              |||||||||||||||||||||||| ||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CTGAAGAAAACCACAACCATGCCATTGAACTAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGA 60

Qy       3315 ATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAG 3374
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 ATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAG 120

Qy       3375 CTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAG 3434
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAG 180

Qy       3435 GAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGC 3494
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGC 240

Qy       3495 TCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCAC 3554
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 TCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCAC 300

Qy       3555 ATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAG 3614
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAG 360

Qy       3615 CTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGA 3674
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 CTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGA 420

Qy       3675 TTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACT 3734
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db        421 TTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGCTATTTTAAGAAACTAATTCCACT 480

Qy       3735 GAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db        481 GAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGATTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 540


RESULT 11
US-11-266-748A-217436
; Sequence 217436, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 217436
;   LENGTH: 564
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-217436

  Query Match             14.1%;  Score 533.6;  DB 8;  Length 564;
  Best Local Similarity   99.3%;  Pred. No. 4.7e-139;
  Matches  536;  Conservative    0;  Mismatches    4;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       3255 CTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGA 3314
              |||||||||||||||||||||||| ||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CTGAAGAAAACCACAACCATGCCATTGAACTAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGA 60

Qy       3315 ATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAG 3374
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 ATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAG 120

Qy       3375 CTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAG 3434
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAG 180

Qy       3435 GAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGC 3494
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGC 240

Qy       3495 TCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCAC 3554
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 TCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCAC 300

Qy       3555 ATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAG 3614
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAG 360

Qy       3615 CTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGA 3674
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 CTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGA 420

Qy       3675 TTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACT 3734
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db        421 TTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGCTATTTTAAGAAACTAATTCCACT 480

Qy       3735 GAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3794
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db        481 GAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGATTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 540

RESULT 12
US-11-266-748A-165504/c
; Sequence 165504, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 165504
;   LENGTH: 668
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (220)..(228)
;   OTHER INFORMATION: n is a, c, g, or t
US-11-266-748A-165504

  Query Match             13.6%;  Score 515.6;  DB 8;  Length 668;
  Best Local Similarity   97.6%;  Pred. No. 5.9e-134;
  Matches  518;  Conservative    0;  Mismatches   13;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1644 TCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTG 1703
              |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        646 TCCTACAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTG 587

Qy       1704 CAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCA 1763
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        586 CAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCA 527

Qy       1764 GAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGT 1823
              |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Db        526 GAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCCCTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGT 467

Qy       1824 CCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCC 1883
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        466 CCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCC 407

Qy       1884 TTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTA 1943
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        406 TTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTA 347

Qy       1944 AACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAG 2003
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        346 AACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAG 287

Qy       2004 CAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCA 2063
              |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        286 CAGCCAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACNN 227

Qy       2064 AAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTC 2123
                     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        226 NNNNNNNCAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTC 167

Qy       2124 AAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTT 2174
              ||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        166 AAGATCTGCTTAGTGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTT 116

RESULT 13
US-11-266-748A-244089
; Sequence 244089, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 244089
;   LENGTH: 668
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (441)..(449)
;   OTHER INFORMATION: n is a, c, g, or t
US-11-266-748A-244089
```

```
  Query Match             13.6%;  Score 515.6;  DB 8;  Length 668;
  Best Local Similarity   97.6%;  Pred. No. 5.9e-134;
  Matches  518;  Conservative    0;  Mismatches   13;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1644 TCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTG 1703
              |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         23 TCCTACAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTG 82

Qy       1704 CAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCA 1763
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         83 CAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCA 142

Qy       1764 GAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGT 1823
              |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Db        143 GAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCCCTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGT 202

Qy       1824 CCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCC 1883
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        203 CCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCC 262

Qy       1884 TTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTA 1943
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        263 TTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTA 322

Qy       1944 AACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAG 2003
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        323 AACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAG 382

Qy       2004 CAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCA 2063
              |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        383 CAGCCAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACNN 442

Qy       2064 AAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTC 2123
                     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        443 NNNNNNNCAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTC 502

Qy       2124 AAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTT 2174
              ||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        503 AAGATCTGCTTAGTGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTT 553

RESULT 14
US-11-266-748A-116071
; Sequence 116071, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 116071
;  LENGTH: 1000
;  TYPE: DNA
;  ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-116071

  Query Match             13.3%;  Score 503.2;  DB 8;  Length 1000;
  Best Local Similarity   76.2%;  Pred. No. 2.3e-130;
  Matches  619;  Conservative    0;  Mismatches  193;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       2878 GGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGA 2937
              |||||| ||||| | ||||||||| ||  | ||||| || | ||| ||||| ||  | ||
Db          3 GGATATCTTTGAAACAGAACAGATTACACTAGATGTGTTGGCTGATATGGGTCATGAAGA 62

Qy       2938 GCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGA 2997
              | |||| || || || |||||||| ||||| ||  | |||||| |||| |||||||| ||
Db         63 GTTGAAAGAAATAGGCATCAATGCATATGGGCACCGCCACAAATTAATCAAAGGAGTAGA 122

Qy       2998 GAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAG 3057
               |||||  |    |||||||||||    || || ||||| |||||  ||     |  |
Db        123 AAGACTCTTAGGTGGACAACAAGGCACCAATCCTTATTTGACTTTTCACTGTGTTAATCA 182

Qy       3058 TGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGA 3117
               ||||| ||| |  | |||||  |||| || |||||||| | |||||| ||||| |||||
Db        183 GGGAACGATTTTGCTGGATCTTGCTCCAGAAGATAAAGAATATCAGTCAGTGGAAGAAGA 242

Qy       3118 GATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAG 3177
              ||||||||||||  ||||||| ||||||||||| ||| |||| || || |||||||||||
Db        243 GATGCAAAGTACTATTCGAGAACACAGAGATGGTGGTAATGCTGGCGGCATCTTCAACAG 302

Qy       3178 ATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCA 3237
              ||||||| |  |    ||||| || |||   ||||||||  |  ||||  | | |   ||
Db        303 ATACAATGTCATTCGAATTCAAAAAGTTGTCAACAAGAAGTTGAGGGAGCGGTTCTGCCA 362

Qy       3238 CCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCA 3297
              |||    || ||||| ||||| || || |||||||||  |||||| || ||| | |||||
Db        363 CCGACAGAAGGAAGTGTCTGAGGAGAATCACAACCATCACAATGAGCGCATGTTGTTTCA 422

Qy       3298 TGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACAT 3357
              ||| ||||||||  | ||||| ||||| || ||||| ||||||||  | ||||| |||||
Db        423 TGGTTCTCCTTTCATTAATGCCATTATTCATAAAGGGTTTGATGAGCGACATGCATACAT 482

Qy       3358 AGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATA 3417
              ||| || |||||||| || || |||||||||||||||||||| || |||||||| |||||
Db        483 AGGAGGAATGTTTGGGGCCGGGATTTATTTTGCTGAAAACTCCTCAAAAAGCAACCAATA 542

Qy       3418 TGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACAT 3477
              ||| ||||||||||||||||| || || || ||    ||||| ||||| || || || ||
Db        543 TGTTTATGGAATTGGAGGAGGAACAGGCTGCCCTACACACAAGGACAGGTCATGCTATAT 602

Qy       3478 TTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAG 3537
               || ||||| ||  ||||||| ||  | || ||| | || || || || |||||||| ||
Db        603 ATGTCACAGACAAATGCTCTTCTGTAGAGTGACCCTTGGGAAATCCTTTCTGCAGTTTAG 662

Qy       3538 TGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGT 3597
                | ||||||||||| ||  | |||||||| || |||||||||| |||||| || || ||
Db        663 CACCATGAAAATGGCCCACGCGCCTCCAGGGCACCACTCAGTCATTGGTAGACCGAGCGT 722

Qy       3598 AAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTA 3657
               ||||| || ||||  ||||||||||| || ||||||||||||||||| || || |||||
Db        723 CAATGGGCTGGCATATGCTGAATATGTCATCTACAGAGGAGAACAGGCATACCCAGAGTA 782

Qy       3658 TTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAG 3689
              | | || ||||||||||| |||| ||| ||||
Db        783 TCTTATCACTTACCAGATCATGAAGCCAGAAG 814

RESULT 15
US-11-266-748A-158235/c
; Sequence 158235, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 158235
;   LENGTH: 1000
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-158235

  Query Match             13.3%;  Score 503.2;  DB 8;  Length 1000;
  Best Local Similarity   76.2%;  Pred. No. 2.3e-130;
  Matches  619;  Conservative    0;  Mismatches  193;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       2878 GGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGA 2937
              |||||| ||||| | ||||||||| ||  | ||||| || | ||| ||||| ||  | ||
Db        998 GGATATCTTTGAAACAGAACAGATTACACTAGATGTGTTGGCTGATATGGGTCATGAAGA 939

Qy       2938 GCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGA 2997
              | |||| || || || |||||||| ||||| ||  | |||||| |||| |||||||| ||
Db        938 GTTGAAAGAAATAGGCATCAATGCATATGGGCACCGCCACAAATTAATCAAAGGAGTAGA 879

Qy       2998 GAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAG 3057
               |||||  |    |||||||||||    || || ||||| |||||  ||     |  |
Db        878 AAGACTCTTAGGTGGACAACAAGGCACCAATCCTTATTTGACTTTTCACTGTGTTAATCA 819

Qy       3058 TGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGA 3117
               ||||| ||| |  | |||||  |||| || |||||||| | |||||| ||||| |||||
Db        818 GGGAACGATTTTGCTGGATCTTGCTCCAGAAGATAAAGAATATCAGTCAGTGGAAGAAGA 759

Qy       3118 GATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAG 3177
              ||||||||||||  ||||||| ||||||||||| ||| |||| || || |||||||||||
Db        758 GATGCAAAGTACTATTCGAGAACACAGAGATGGTGGTAATGCTGGCGGCATCTTCAACAG 699

Qy       3178 ATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCA 3237
              ||||||| |  |    ||||| || |||   ||||||||  |  ||||  | | |   ||
Db        698 ATACAATGTCATTCGAATTCAAAAAGTTGTCAACAAGAAGTTGAGGGAGCGGTTCTGCCA 639

Qy       3238 CCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCA 3297
              |||    || ||||| ||||| || || |||||||||  |||||| || ||| | |||||
Db        638 CCGACAGAAGGAAGTGTCTGAGGAGAATCACAACCATCACAATGAGCGCATGTTGTTTCA 579

Qy       3298 TGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACAT 3357
              ||| ||||||||  | ||||| ||||| || ||||| ||||||||  | ||||| |||||
Db        578 TGGTTCTCCTTTCATTAATGCCATTATTCATAAAGGGTTTGATGAGCGACATGCATACAT 519

Qy       3358 AGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATA 3417
              ||| || |||||||| || || |||||||||||||||||||| || |||||||| |||||
Db        518 AGGAGGAATGTTTGGGGCCGGGATTTATTTTGCTGAAAACTCCTCAAAAAGCAACCAATA 459

Qy       3418 TGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACAT 3477
              ||| ||||||||||||||||| || || || ||    ||||| ||||| || || || ||
Db        458 TGTTTATGGAATTGGAGGAGGAACAGGCTGCCCTACACACAAGGACAGGTCATGCTATAT 399

Qy       3478 TTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAG 3537
               || ||||| ||  ||||||| ||  | || ||| | || || || || |||||||| ||
Db        398 ATGTCACAGACAAATGCTCTTCTGTAGAGTGACCCTTGGGAAATCCTTTCTGCAGTTTAG 339

Qy       3538 TGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGT 3597
                | ||||||||||| ||  | |||||||| || |||||||||| |||||| || || ||
Db        338 CACCATGAAAATGGCCCACGCGCCTCCAGGGCACCACTCAGTCATTGGTAGACCGAGCGT 279

Qy       3598 AAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTA 3657
               ||||| || ||||  ||||||||||| || ||||||||||||||||| || || |||||
Db        278 CAATGGGCTGGCATATGCTGAATATGTCATCTACAGAGGAGAACAGGCATACCCAGAGTA 219

Qy       3658 TTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAG 3689
              | | || ||||||||||| |||| ||| ||||
Db        218 TCTTATCACTTACCAGATCATGAAGCCAGAAG 187

Search completed: December 18, 2006, 19:31:47
Job time : 759.113 secs
```

This Page Blank (uspto)

```
                    GenCore version 5.1.9
          Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on:          December 18, 2006, 13:00:26 ; Search time 655.632 Seconds
                                            (without alignments)
                                            10890.483 Million cell updates/sec

Title:           US-10-616-101-2
Perfect score:   3816
Sequence:        1 cgcgctgctccgcccgccgc...........cctttgctgaaaaaaaaaa 3816

Scoring table:   IDENTITY_NUC
                 Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched:        1403666 seqs, 935554401 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      2807332

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       Issued_Patents_NA:*
                 1:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/1_COMB.seq:*
                 2:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/5_COMB.seq:*
                 3:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/6A_COMB.seq:*
                 4:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/6B_COMB.seq:*
                 5:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/7_COMB.seq:*
                 6:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/H_COMB.seq:*
                 7:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/PCTUS_COMB.seq:*
                 8:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/PP_COMB.seq:*
                 9:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/RE_COMB.seq:*
                 10:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/backfiles1.seq:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                                  SUMMARIES
                          %
Result                  Query
  No.     Score        Match Length DB  ID                        Description
 -----------------------------------------------------------------------------
    1     3816   100.0   3816  3  US-09-696-668-2             Sequence 2, Appli
    2     3816   100.0   3816  3  US-09-843-159B-2            Sequence 2, Appli
    3   3791.4    99.4   4275  3  US-09-972-115A-5            Sequence 5, Appli
    4   3788.4    99.3   6018  3  US-09-849-602-11            Sequence 11, Appl
    5   3770.8    98.8   5075  3  US-09-799-451-556           Sequence 556, App
    6   3594.8    94.2   4512  3  US-09-350-982C-3            Sequence 3, Appli
    7   3488.8    91.4   3498  3  US-09-350-982C-4            Sequence 4, Appli
    8   3393.4    88.9   3797  3  US-09-696-668-1             Sequence 1, Appli
    9   3393.4    88.9   3797  3  US-09-843-159B-1            Sequence 1, Appli
   10   3387.6    88.8   3394  3  US-09-427-154-1             Sequence 1, Appli
   11     3341    87.6   4297  3  US-09-972-115A-3            Sequence 3, Appli
   12     3039    79.6   4493  3  US-09-972-115A-1            Sequence 1, Appli
   13     1885    49.4   4134  3  US-09-196-387-1             Sequence 1, Appli
   14     1885    49.4   4134  3  US-09-841-835-1             Sequence 1, Appli
   15     1885    49.4   4134  3  US-09-972-115A-7            Sequence 7, Appli
   16   1521.2    39.9   4491  3  US-09-196-387-7             Sequence 7, Appli
   17   1521.2    39.9   4491  3  US-09-841-835-7             Sequence 7, Appli
   18   1369.4    35.9   4657  3  US-09-196-387-9             Sequence 9, Appli
   19   1369.4    35.9   4657  3  US-09-841-835-9             Sequence 9, Appli
   20   1192.6    31.3   2409  3  US-09-964-899-40            Sequence 40, Appl
c  21    518.4    13.6    520  3  US-09-972-115A-10           Sequence 10, Appl
   22    380.4    10.0    384  3  US-09-972-115A-9            Sequence 9, Appli
   23    249.4     6.5    770  3  US-09-270-767-13625         Sequence 13625, A
   24    121.2     3.2    523  3  US-09-196-387-12            Sequence 12, Appl
   25    121.2     3.2    523  3  US-09-841-835-12            Sequence 12, Appl
   26     97.4     2.6  14770  3  US-09-220-132-30            Sequence 30, Appl
   27     97.4     2.6  14770  3  US-09-949-016-1107          Sequence 1107, Ap
   28       93     2.4   5235  2  US-09-031-485-35            Sequence 35, Appl
c  29       93     2.4   5235  2  US-09-031-485-36            Sequence 36, Appl
   30       93     2.4   5235  2  US-08-847-429A-35           Sequence 35, Appl
c  31       93     2.4   5235  2  US-08-847-429A-36           Sequence 36, Appl
   32       93     2.4   5235  3  US-09-065-474-35            Sequence 35, Appl
c  33       93     2.4   5235  3  US-09-065-474-36            Sequence 36, Appl
   34       93     2.4   5235  3  US-09-557-034-35            Sequence 35, Appl
c  35       93     2.4   5235  3  US-09-557-034-36            Sequence 36, Appl
   36       93     2.4   5503  2  US-09-031-485-32            Sequence 32, Appl
c  37       93     2.4   5503  2  US-09-031-485-34            Sequence 34, Appl
   38       93     2.4   5503  2  US-08-847-429A-32           Sequence 32, Appl
c  39       93     2.4   5503  2  US-08-847-429A-34           Sequence 34, Appl
   40       93     2.4   5503  3  US-09-065-474-32            Sequence 32, Appl
c  41       93     2.4   5503  3  US-09-065-474-34            Sequence 34, Appl
   42       93     2.4   5503  3  US-09-557-034-32            Sequence 32, Appl
c  43       93     2.4   5503  3  US-09-557-034-34            Sequence 34, Appl
   44     90.8     2.4   8560  3  US-09-949-016-1788          Sequence 1788, Ap
   45     90.8     2.4   8560  3  US-09-949-016-1789          Sequence 1789, Ap
```

Senior

Junior

Junior

```
                                  ALIGNMENTS


RESULT 1
US-09-696-668-2
; Sequence 2, Application US/09696668
; Patent No. 6617102
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  APPLICANT:  Ossovskaya, Valeria
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE H, COMPOSITIONS INVOLVED IN THE CELL CYCLE AND METHODS
;  FILE REFERENCE: A-68292-1/RMS/DHR
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/696,668
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-23
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 11
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 2
;   LENGTH: 3816
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-696-668-2

  Query Match             100.0%;  Score 3816;  DB 3;  Length 3816;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 3816;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240

Qy        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300

Qy        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360

Qy        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420

Qy        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480

Qy        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540

Qy        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600

Qy        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660

Qy        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720

Qy        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780

Qy        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840

Qy        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900

Qy        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960

Qy        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020

Qy       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080

Qy       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140

Qy       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200

Qy       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260

Qy       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320

Qy       1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380

Qy       1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440

Qy       1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500

Qy       1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560

Qy       1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620

Qy       1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680

Qy       1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740

Qy       1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800

Qy       1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860

Qy       1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920

Qy       1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980

Qy       1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040

Qy       2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100

Qy       2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160

Qy       2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220

Qy       2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280

Qy       2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340

Qy       2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400

Qy       2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
```

```
Qy       2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520

Qy       2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580

Qy       2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640

Qy       2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700

Qy       2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760

Qy       2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820

Qy       2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880

Qy       2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940

Qy       2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000

Qy       3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060

Qy       3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120

Qy       3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180

Qy       3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240

Qy       3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300

Qy       3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360

Qy       3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420

Qy       3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480

Qy       3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540

Qy       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600

Qy       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660

Qy       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720

Qy       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780

Qy       3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAAA 3816
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAAA 3816


RESULT 2
US-09-843-159B-2
; Sequence 2, Application US/09843159B
; Patent No. 6887675
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Yin
;  APPLICANT:  Chan, Evan
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods c
;  FILE REFERENCE: A-68292-2/RMS/DHR
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/843,159B
;  CURRENT FILING DATE:  2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 17
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 2
;   LENGTH: 3816
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-843-159B-2

  Query Match             100.0%;  Score 3816;  DB 3;  Length 3816;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 3816;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240

Qy        241 GCGCCGGCGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GCGCCGGCGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300

Qy        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
```

```
Qy        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420

Qy        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480

Qy        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540

Qy        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600

Qy        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660

Qy        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720

Qy        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780

Qy        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840

Qy        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900

Qy        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960

Qy        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020

Qy       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080

Qy       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140

Qy       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200

Qy       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260

Qy       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320

Qy       1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380

Qy       1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440

Qy       1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500

Qy       1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560

Qy       1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620

Qy       1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680

Qy       1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740

Qy       1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800

Qy       1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860

Qy       1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920

Qy       1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980

Qy       1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040

Qy       2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100

Qy       2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160

Qy       2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220

Qy       2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280

Qy       2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340

Qy       2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400

Qy       2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460

Qy       2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520

Qy       2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580

Qy        2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640

Qy        2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700

Qy        2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760

Qy        2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820

Qy        2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880

Qy        2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940

Qy        2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000

Qy        3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060

Qy        3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120

Qy        3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180

Qy        3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240

Qy        3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300

Qy        3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360

Qy        3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420

Qy        3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480

Qy        3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540

Qy        3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600

Qy        3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660

Qy        3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720

Qy        3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780

Qy        3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3816
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3816

RESULT 3
US-09-972-115A-5
; Sequence 5, Application US/09972115A
; Patent No. 6599728
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:  Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 5
;   LENGTH: 4275
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (284)..(3781)
;   OTHER INFORMATION:
US-09-972-115A-5

  Query Match             99.4%;  Score 3791.4;  DB 3;  Length 4275;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy           1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
               ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Db          61 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGCAGGGAGCCCATCGAGGGGCGCGCG 120

Qy          61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
               |||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         121 TGGGCGCGG-CCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 179

Qy         121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         180 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 239

Qy         181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         240 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 299

Qy         241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         300 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 359

Qy         301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         360 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 419

Qy         361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      420 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 479

Qy      421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      480 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 539

Qy      481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      540 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 599

Qy      541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      600 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 659

Qy      601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      660 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 719

Qy      661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      720 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 779

Qy      721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      780 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 839

Qy      781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      840 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 899

Qy      841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      900 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 959

Qy      901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      960 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1019

Qy      961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1020 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1079

Qy     1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1080 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1139

Qy     1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1140 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1199

Qy     1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1200 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1259

Qy     1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1260 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1319

Qy     1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1320 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1379

Qy     1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1380 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1439

Qy     1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1440 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1499

Qy     1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1500 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1559

Qy     1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1560 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1619

Qy     1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1620 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1679

Qy     1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1680 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1739

Qy     1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1740 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1799

Qy     1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1800 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1859

Qy     1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1860 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1919

Qy     1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1920 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1979

Qy     1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1980 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2039

Qy     1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2040 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2099

Qy     2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db     2100 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2159

Qy     2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2160 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2219

Qy     2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2220 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2279

Qy     2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2280 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2339

Qy     2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2340 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2399

Qy     2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2400 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2459

Qy     2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2460 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2519

Qy     2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2520 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2579

Qy     2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2580 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2639
```

```
Qy       2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2640 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2699

Qy       2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2700 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2759

Qy       2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2760 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2819

Qy       2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2820 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2879

Qy       2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2880 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2939

Qy       2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2940 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2999

Qy       2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3000 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3059

Qy       3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3060 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3119

Qy       3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3120 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3179

Qy       3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3180 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3239

Qy       3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3240 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3299

Qy       3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3300 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3359

Qy       3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3360 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3419

Qy       3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3420 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3479

Qy       3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3480 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3539

Qy       3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3540 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3599

Qy       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3600 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3659

Qy       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3660 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3719

Qy       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3720 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3779

Qy       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3780 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3839

Qy       3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
              |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3840 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3872

RESULT 4
US-09-849-602-11
; Sequence 11, Application US/09849602
; Patent No. 6794501
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Scanlan, Matthew J.
;  APPLICANT:  Old, Lloyd J.
;  APPLICANT:  Stockert, Elisabeth
;  APPLICANT:  Chen, Yao-Tseng
;  TITLE OF INVENTION: Colon Cancer Antigen Panel
;  FILE REFERENCE: L0461/7105(JRV)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/849,602
;  CURRENT FILING DATE:  2001-05-04
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 30
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO 11
;   LENGTH: 6018
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapien
US-09-849-602-11

  Query Match             99.3%;  Score 3788.4;  DB 3;  Length 6018;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3803;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          4 GCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCGTGG 63
              |||||  |  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCGTGG 60

Qy         64 GCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGGCCC 123
              |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGG-CCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGGCCC 119

Qy        124 TGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGCTCC 183
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        120 TGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGCTCC 179

Qy        184 GGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCTGCG 243
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        180 GGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCTGCG 239

Qy        244 CCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAG 303
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        240 CCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAG 299

Qy        304 AGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTG 363
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        300 AGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTG 359

Qy        364 AGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAG 423
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        360 AGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAG 419

Qy        424 GTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCAC 483
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        420 GTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCAC 479

Qy        484 GTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAG 543
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        480 GTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAG 539
```

```
Qy       544 TCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTC 603
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       540 TCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTC 599

Qy       604 CTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATG 663
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       600 CTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATG 659

Qy       664 GAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCAT 723
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       660 GAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCAT 719

Qy       724 CTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGA 783
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       720 CTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGA 779

Qy       784 GTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAA 843
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       780 GTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAA 839

Qy       844 GTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTG 903
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       840 GTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTG 899

Qy       904 TACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTAC 963
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       900 TACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTAC 959

Qy       964 CATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATG 1023
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       960 CATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATG 1019

Qy      1024 GTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTA 1083
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1020 GTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTA 1079

Qy      1084 AGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCA 1143
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1080 AGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCA 1139

Qy      1144 ATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAG 1203
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1140 ATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAG 1199

Qy      1204 CATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAA 1263
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1200 CATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAA 1259

Qy      1264 TCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAG 1323
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1260 TCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAG 1319

Qy      1324 CATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGC 1383
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1320 CATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGC 1379

Qy      1384 TAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGG 1443
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1380 TAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGG 1439

Qy      1444 CATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTA 1503
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1440 CATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTA 1499

Qy      1504 ATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTAC 1563
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1500 ATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTAC 1559

Qy      1564 AAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCT 1623
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1560 AAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCT 1619

Qy      1624 TTACTGCTTTACAGATGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCAT 1683
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1620 TTACTGCTTTACAGATGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCAT 1679

Qy      1684 TAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAA 1743
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1680 TAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAA 1739

Qy      1744 CTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGT 1803
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1740 CTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGT 1799

Qy      1804 CTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTAC 1863
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1800 CTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTAC 1859

Qy      1864 AGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCAT 1923
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1860 AGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCAT 1919

Qy      1924 GTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATG 1983
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1920 GTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATG 1979

Qy      1984 TAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAA 2043
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1980 TAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAA 2039

Qy      2044 TTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATA 2103
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Db      2040 TTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAATA 2099

Qy      2104 CTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATG 2163
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2100 CTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATG 2159

Qy      2164 CAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTC 2223
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2160 CAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTC 2219

Qy      2224 CTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAG 2283
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2220 CTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAG 2279

Qy      2284 CTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATG 2343
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2280 CTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATG 2339

Qy      2344 CCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATG 2403
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2340 CCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATG 2399

Qy      2404 TAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCA 2463
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2400 TAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCA 2459

Qy      2464 CACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCC 2523
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2460 CACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCC 2519

Qy      2524 ATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAG 2583
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2520 ATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAG 2579

Qy      2584 CGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTT 2643
             | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2580 CAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTT 2639

Qy      2644 ACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTT 2703
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2640 ACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTT 2699

Qy      2704 CAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGA 2763
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2700 CAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGA 2759

Qy       2764 GTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGG 2823
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2760 GTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGG 2819

Qy       2824 AGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGAC 2883
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2820 AGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGAC 2879

Qy       2884 TTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGA 2943
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2880 TTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGA 2939

Qy       2944 TGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAA 3003
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2940 TGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAA 2999

Qy       3004 TTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGA 3063
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3000 TTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGA 3059

Qy       3064 ACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGT 3123
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3060 ACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGT 3119

Qy       3124 CTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTG 3183
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3120 CTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTG 3179

Qy       3184 GAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGG 3243
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3180 GAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGG 3239

Qy       3244 AAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAAC 3303
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3240 AAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAAC 3299

Qy       3304 GAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAA 3363
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3300 GAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAA 3359

Qy       3364 GGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCA 3423
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3360 GGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCA 3419

Qy       3424 AAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACA 3483
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3420 AAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACA 3479

Qy       3484 GATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTT 3543
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3480 GATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTT 3539

Qy       3544 TCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTG 3603
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3540 TCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTG 3599

Qy       3604 GTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGG 3663
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3600 GTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGG 3659

Qy       3664 CTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGAT 3723
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3660 CTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGAT 3719

Qy       3724 AAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCC 3783
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3720 AAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCC 3779

Qy       3784 TCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
              ||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3780 TCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3809
```

```
RESULT 5
US-09-799-451-556
; Sequence 556, Application US/09799451
; Patent No. 6783969
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Tang, Y. Tom
;  APPLICANT:  Zhou, Ping
;  APPLICANT:  Goodrich, Ryle
;  APPLICANT:  Asundi, Vinod
;  APPLICANT:  Ren, Feiyan
;  APPLICANT:  Zhang, Jie
;  APPLICANT:  Xue, Aidong J.
;  APPLICANT:  Zhao, Qing A.
;  APPLICANT:  Wang, Jian-Rui
;  APPLICANT:  Ma, Yunqing
;  APPLICANT:  Yamazaki, Victoria
;  APPLICANT:  Chen, Rui-hong
;  APPLICANT:  Wang, Zhiwei
;  APPLICANT:  Wang, Dunrui
;  APPLICANT:  Yang, Yonghong
;  APPLICANT:  Wehrman, Tom
;  APPLICANT:  Ghosh, Reena
;  APPLICANT:  Drmanac, Radoje T.
;  TITLE OF INVENTION: No. 6783969el Nucleic Acids and
;  TITLE OF INVENTION:  Polypeptides
;  FILE REFERENCE: 803
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/799,451
;  CURRENT FILING DATE:  2001-03-05
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 948
;  SOFTWARE: pt_FL_genes Version 2.0
; SEQ ID NO 556
;   LENGTH: 5075
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (253)..(3750)
US-09-799-451-556

  Query Match             98.8%;  Score 3770.8;  DB 3;  Length 5075;
  Best Local Similarity   99.6%;  Pred. No. 0;
  Matches 3800;  Conservative   0;  Mismatches   12;  Indels    2;  Gaps    2;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         29 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 88

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         89 TGGGCGCGG-CCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 147

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCT-CGCGGGGCCGGGGCTCCTG 179
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||
Db        148 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCCCCGGGGCCGGGGCTCCTG 207

Qy        180 CTCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGC 239
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        208 CTCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGC 267

Qy        240 TGCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCC 299
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        268 TGCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCC 327

Qy        300 CGAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACG 359
              |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        328 CGAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCCCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACG 387

Qy        360 CCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCC 419
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  |  ||||||||||||||||
Db        388 CCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAAATCCACCCGCTGCACTTCGCC 447
```

```
Qy        420 GCAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAA 479
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Db        448 GCAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAAAATGGTGCAAATGTCCAA 507

Qy        480 GCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAA 539
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        508 GCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAA 567

Qy        540 GTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTAT 599
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        568 GTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTAT 627

Qy        600 ACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAG 659
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        628 ACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAG 687

Qy        660 CATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGAT 719
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        688 CATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGAT 747

Qy        720 CCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCC 779
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        748 CCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCC 807

Qy        780 AGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCAC 839
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        808 AGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCAC 867

Qy        840 GCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAG 899
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        868 GCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAG 927

Qy        900 ATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTG 959
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        928 ATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTG 987

Qy        960 GTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAG 1019
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        988 GTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAG 1047

Qy       1020 CATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCT 1079
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1048 CATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCT 1107

Qy       1080 TCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTG 1139
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1108 TCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTG 1167

Qy       1140 CTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGA 1199
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1168 CTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGA 1227

Qy       1200 TTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACT 1259
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1228 TTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACT 1287

Qy       1260 CGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAA 1319
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1288 CGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAA 1347

Qy       1320 ACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTG 1379
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1348 ACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTG 1407

Qy       1380 TTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCAC 1439
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1408 TTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCAC 1467

Qy       1440 GTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAG 1499
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1468 GTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAG 1527

Qy       1500 GTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCAT 1559
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1528 GTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCAT 1587

Qy       1560 CTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAG 1619
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1588 CTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAG 1647

Qy       1620 GGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATC 1679
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1648 GGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATC 1707

Qy       1680 TCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTC 1739
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1708 TCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTC 1767

Qy       1740 GAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGT 1799
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1768 GAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGT 1827

Qy       1800 CAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTG 1859
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1828 CAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTG 1887

Qy       1860 CTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAAT 1919
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1888 CTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAAT 1947

Qy       1920 GCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTT 1979
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1948 GCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTT 2007

Qy       1980 AATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATAT 2039
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2008 AATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATAT 2067

Qy       2040 GAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAAACAGGATGGA 2099
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Db       2068 GAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAAACAGGATGGA 2127

Qy       2100 AATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGA 2159
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2128 AATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGA 2187

Qy       2160 GATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCT 2219
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2188 GATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCT 2247

Qy       2220 TCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTA 2279
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2248 TCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTA 2307

Qy       2280 GCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTG 2339
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2308 GCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTG 2367

Qy       2340 AATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTA 2399
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2368 AATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTA 2427

Qy       2400 GATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCT 2459
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2428 GATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCT 2487

Qy       2460 TTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTA 2519
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2488 TTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTA 2547

Qy       2520 GCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTT 2579
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2548 GCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTT 2607

Qy       2580 TCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCT 2639
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2608 TCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCT 2667

Qy       2640 TGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTC 2699
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2668 TGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTC 2727

Qy       2700 TCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCT 2759
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2728 TCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCT 2787

Qy       2760 GGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGT 2819
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2788 GGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGT 2847

Qy       2820 TTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTT 2879
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2848 TTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTT 2907

Qy       2880 GGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTT 2939
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2908 GGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTT 2967

Qy       2940 GAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAA 2999
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2968 GAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAA 3027

Qy       3000 CTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACT 3059
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3028 CTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACT 3087

Qy       3060 TTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTT 3119
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3088 TTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTT 3147

Qy       3120 CAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCA 3179
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3148 CAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCA 3207

Qy       3180 GGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTA 3239
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3208 GGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTA 3267

Qy       3240 TGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAAT 3299
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3268 TGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAAT 3327

Qy       3300 GAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGAT 3359
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3328 GAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGAT 3387

Qy       3360 GAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCT 3419
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3388 GAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCT 3447

Qy       3420 TCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAA 3479
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3448 TCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAA 3507

Qy       3480 GACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAG 3539
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3508 GACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAG 3567

Qy       3540 TCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTC 3599
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3568 TCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTC 3627

Qy       3600 ACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAA 3659
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3628 ACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAA 3687

Qy       3660 CAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGAT 3719
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3688 CAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGAT 3747

Qy       3720 GGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGT 3779
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3748 GGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGT 3807

Qy       3780 GGCCTCTACGTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3808 GGCCTCTACGTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3841


RESULT 6
US-09-350-982C-3
; Sequence 3, Application US/09350982C
; Patent No. 6455290
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT:  Berthelsen, Jens
;  APPLICANT:  Toma, Salvatore
;  APPLICANT:  Isacchi, Antonella
;  TITLE OF INVENTION:   Tankyrase Homolog Protein(THP), Nucleic Acids, and Methods Relat
;  TITLE OF INVENTION:  Same
;  FILE REFERENCE:   PHRM-0043
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/350,982C
;  CURRENT FILING DATE:  1999-07-09
;  NUMBER OF SEQ ID NOS:  10
;  SOFTWARE:   PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 4512
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Artificial
;   FEATURE:
;   OTHER INFORMATION: PCR Primers
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1124)..(1124)
;   OTHER INFORMATION: n is any nucleic acid
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2672)..(2672)
;   OTHER INFORMATION: n is any nucleic acid
US-09-350-982C-3

  Query Match             94.2%;  Score 3594.8;  DB 3;  Length 4512;
  Best Local Similarity   99.7%;  Pred. No. 0;
  Matches 3593;  Conservative    6;  Mismatches    5;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        210 GCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCTGCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGC 269
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          8 GCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCTGCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGC 67

Qy        270 GCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGG 329
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         68 GCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGG 127

Qy        330 GACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCG 389
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        128 GACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCG 187

Qy        390 GGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAA 449
              |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        188 GGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACCTCGCCGCAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAA 247

Qy        450 TATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTT 509
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        248 TATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTT 307

Qy        510 CATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCA 569
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        308 CATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCA 367

Qy        570 GACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGA 629
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        368 GACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGA 427

Qy        630 AAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACA 689
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       428 AAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACA 487

Qy       690 GATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAA 749
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       488 GATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAA 547

Qy       750 TATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCT 809
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       548 TATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCT 607

Qy       810 CTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTA 869
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       608 CTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTA 667

Qy       870 CATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCT 929
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       668 CATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCT 727

Qy       930 GATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGT 989
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       728 GATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGT 787

Qy       990 CATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTG 1049
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       788 CATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTG 847

Qy      1050 TGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTT 1109
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       848 TGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTT 907

Qy      1110 CTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGAC 1169
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       908 CTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGAC 967

Qy      1170 TTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTG 1229
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       968 TTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTG 1027

Qy      1230 CTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATG 1289
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1028 CTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATG 1087

Qy      1290 GTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCA 1349
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db      1088 GTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCANTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCA 1147

Qy      1350 TATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAA 1409
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||
Db      1148 TATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAMCATCAATGAA 1207

Qy      1410 AAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTT 1469
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||
Db      1208 AAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATRTT 1267

Qy      1470 GTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACT 1529
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1268 GTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACT 1327

Qy      1530 TCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTAT 1589
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1328 TCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTAT 1387

Qy      1590 GGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAA 1649
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1388 GGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAA 1447

Qy      1650 AATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAA 1709
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1448 AATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAA 1507

Qy      1710 TTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAG 1769
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1508 TTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAG 1567

Qy      1770 AGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGG 1829
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1568 AGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGG 1627

Qy      1830 TATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAA 1889
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1628 TATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAA 1687

Qy      1890 GATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCA 1949
             |||||||::|:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1688 GATAAAGRRGSCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCA 1747

Qy      1950 GAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCT 2009
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1748 GAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCT 1807

Qy      2010 TTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGT 2069
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1808 TTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGT 1867

Qy      2070 GCAGACCCTACCAAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGA 2129
             ||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1868 GCAGACCCTACAAAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGA 1927

Qy      2130 GATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAG 2189
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1928 GATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAG 1987

Qy      2190 GGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACC 2249
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1988 AGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACC 2047

Qy      2250 CAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCA 2309
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2048 CAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCA 2107

Qy      2310 GAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCT 2369
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2108 GAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCT 2167

Qy      2370 TTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAAT 2429
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2168 TTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAAT 2227

Qy      2430 GCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAG 2489
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2228 GCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAG 2287

Qy      2490 GGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAAT 2549
             ||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2288 GGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGKTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAAT 2347

Qy      2550 CAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACA 2609
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2348 CAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACA 2407

Qy      2610 GCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTG 2669
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2408 GCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTG 2467

Qy      2670 AGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTT 2729
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2468 AGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTT 2527

Qy      2730 TCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTT 2789
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2528 TCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTT 2587

Qy      2790 AGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGAT 2849
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2588 AGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGAT 2647
```

```
Qy       2850 TTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAG 2909
              |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2648 TTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGNATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAG 2707

Qy       2910 AGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATT 2969
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2708 AGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATT 2767

Qy       2970 GGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCC 3029
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2768 GGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCC 2827

Qy       3030 GGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTT 3089
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2828 GGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTT 2887

Qy       3090 ATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACA 3149
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2888 ATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACA 2947

Qy       3150 GTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTC 3209
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2948 GTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTC 3007

Qy       3210 AAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAA 3269
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3008 AAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAA 3067

Qy       3270 GTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTT 3329
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3068 GTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTT 3127

Qy       3330 GTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTT 3389
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3128 GTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTT 3187

Qy       3390 GGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATT 3449
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3188 GGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATT 3247

Qy       3450 GGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAG 3509
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3248 GGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAG 3307

Qy       3510 CTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATG 3569
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3308 CTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATG 3367

Qy       3570 GCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCA 3629
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3368 GCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCA 3427

Qy       3630 TTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTAC 3689
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3428 TTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTAC 3487

Qy       3690 CAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTC 3749
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3488 CAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTC 3547

Qy       3750 CACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAA 3809
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3548 CACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAA 3607

Qy       3810 AAAA 3813
              ||||
Db       3608 AAAA 3611


RESULT 7
US-09-350-982C-4
; Sequence 4, Application US/09350982C
; Patent No. 6455290
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT:  Berthelsen, Jens
;  APPLICANT:  Toma, Salvatore
;  APPLICANT:  Isacchi, Antonella
;  TITLE OF INVENTION:   Tankyrase Homolog Protein(THP), Nucleic Acids, and Methods Relat
;  TITLE OF INVENTION:  Same
;  FILE REFERENCE:   PHRM-0043
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/350,982C
;  CURRENT FILING DATE:  1999-07-09
;  NUMBER OF SEQ ID NOS:   10
;  SOFTWARE:   PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO 4
;   LENGTH: 3498
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Artificial
;   FEATURE:
;   OTHER INFORMATION: PCR Primers
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (1)..(3498)
;   NAME/KEY: misc_feature
;   OTHER INFORMATION: Xaa is any amino acid
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1102)..(1102)
;   OTHER INFORMATION: n is any nucleic acid
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2650)..(2650)
;   OTHER INFORMATION: n is any nucleic acid
US-09-350-982C-4

  Query Match             91.4%;  Score 3488.8;  DB 3;  Length 3498;
  Best Local Similarity   99.7%;  Pred. No. 0;
  Matches 3487;  Conservative    6;  Mismatches    5;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        225 ATGTCGGGTCGCCGCTGCGCCGGCGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCC 284
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGTCGGGTCGCCGCTGCGCCGGCGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCC 60

Qy        285 GTGGAGCCGGCCGCCCGAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTC 344
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTGGAGCCGGCCGCCCGAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTC 120

Qy        345 AAGAGGCTGGTGACGCCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACC 404
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 AAGAGGCTGGTGACGCCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACC 180

Qy        405 CCGCTGCACTTCGCCGCAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAAT 464
              ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 CCGCTGCACCTCGCCGCAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAAT 240

Qy        465 GGTGCAAATGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCT 524
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GGTGCAAATGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCT 300

Qy        525 TTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGA 584
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGA 360

Qy        585 GATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGC 644
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGC 420

Qy        645 ATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCA 704
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 ATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCA 480

Qy        705 TTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAA 764
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 TTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAA 540

Qy        765 CTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTA 824
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 CTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTA 600
```

```
Qy       825 AATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGA 884
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       601 AATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGA 660

Qy       885 TATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAA 944
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       661 TATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAA 720

Qy       945 GATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACT 1004
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       721 GATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACT 780

Qy      1005 GAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCT 1064
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       781 GAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCT 840

Qy      1065 CTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGT 1124
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       841 CTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGT 900

Qy      1125 GCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCA 1184
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       901 GCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCA 960

Qy      1185 CAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGA 1244
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       961 CAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGA 1020

Qy      1245 GAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCAT 1304
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1021 GAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCAT 1080

Qy      1305 CCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAG 1364
             |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1081 CCTCAAACACATGAAACAGCANTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAG 1140

Qy      1365 CAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTC 1424
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||
Db      1141 CAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAMCATCAATGAAAAGACTAAAGAATTC 1200

Qy      1425 TTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTG 1484
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||
Db      1201 TTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATRTTGTTGAAGTAGTGGTG 1260

Qy      1485 AAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCT 1544
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1261 AAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCT 1320

Qy      1545 GCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAAC 1604
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1321 GCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAAC 1380

Qy      1605 ATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTC 1664
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1381 ATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTC 1440

Qy      1665 CTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCA 1724
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1441 CTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCA 1500

Qy      1725 AAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGA 1784
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1501 AAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGA 1560

Qy      1785 GACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCC 1844
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1561 GACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCC 1620

Qy      1845 GTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTT 1904
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||::|:||||
Db      1621 GTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGRRGSCCTT 1680

Qy      1905 GTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAA 1964
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1681 GTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAA 1740

Qy      1965 CATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCA 2024
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1741 CATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCA 1800

Qy      2025 GCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAA 2084
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Db      1801 GCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAA 1860

Qy      2085 AAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAA 2144
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1861 AAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAA 1920

Qy      2145 GATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGA 2204
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Db      1921 GATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGAGTTGTTTAGCCAGA 1980

Qy      2205 GTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCA 2264
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1981 GTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCA 2040

Qy      2265 ACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAA 2324
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2041 ACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAA 2100

Qy      2325 CACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCA 2384
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2101 CACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCA 2160

Qy      2385 TCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCC 2444
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2161 TCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCC 2220

Qy      2445 ACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTT 2504
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2221 ACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTT 2280

Qy      2505 TGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACA 2564
             |||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2281 TGTGCTTTGKTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACA 2340

Qy      2565 CCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCA 2624
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2341 CCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCA 2400

Qy      2625 TCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCC 2684
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2401 TCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCC 2460

Qy      2685 ACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGT 2744
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2461 ACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGT 2520

Qy      2745 CTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACA 2804
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2521 CTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACA 2580

Qy      2805 GAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAA 2864
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2581 GAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAA 2640

Qy      2865 TTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACT 2924
             ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2641 TTCGTAAGGNATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACT 2700

Qy      2925 TTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTAT 2984
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2701 TTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTAT 2760

Qy      2985 GGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTT 3044
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTT 2820

Qy       3045 AACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCT 3104
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 AACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCT 2880

Qy       3105 GATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGA 3164
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGA 2940

Qy       3165 GATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTT 3224
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 GATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTT 3000

Qy       3225 TGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAAC 3284
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAAC 3060

Qy       3285 CACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATC 3344
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATC 3120

Qy       3345 CACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTAT 3404
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 CACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTAT 3180

Qy       3405 TTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGG 3464
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 TTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGG 3240

Qy       3465 TGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGG 3524
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 TGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGG 3300

Qy       3525 GTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCA 3584
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCA 3360

Qy       3585 GGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTT 3644
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTT 3420

Qy       3645 ATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCT 3704
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCT 3480

Qy       3705 GAAGGTATGGTCGATGGA 3722
              ||||||||||||||||||
Db       3481 GAAGGTATGGTCGATGGA 3498
```

```
RESULT 8
US-09-696-668-1
; Sequence 1, Application US/09696668
; Patent No. 6617102
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  APPLICANT:  Ossovskaya, Valeria
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE H, COMPOSITIONS INVOLVED IN THE CELL CYCLE AND METHODS
;  FILE REFERENCE: A-68292-1/RMS/DHR
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/696,668
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-23
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 11
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 3797
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
```

```
US-09-696-668-1

  Query Match             88.9%;  Score 3393.4;  DB 3;  Length 3797;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3394;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        422 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 481
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462

Qy        482 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 541
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522

Qy        542 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 601
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582

Qy        602 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 661
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642

Qy        662 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 721
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702

Qy        722 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 781
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762

Qy        782 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 841
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822

Qy        842 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 901
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882

Qy        902 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 961
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942

Qy        962 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1021
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002

Qy       1022 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1081
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062

Qy       1082 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1141
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122

Qy       1142 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1201
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182

Qy       1202 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1261
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242

Qy       1262 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1321
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302

Qy       1322 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1381
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362

Qy       1382 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1441
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422
```

```
Qy        1442 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1501
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482

Qy        1502 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1561
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542

Qy        1562 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1621
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602

Qy        1622 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1681
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662

Qy        1682 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1741
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722

Qy        1742 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1801
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782

Qy        1802 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1861
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842

Qy        1862 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1921
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902

Qy        1922 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1981
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962

Qy        1982 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2041
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022

Qy        2042 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2101
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082

Qy        2102 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2161
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142

Qy        2162 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2221
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202

Qy        2222 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2281
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262

Qy        2282 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2341
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322

Qy        2342 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2401
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382

Qy        2402 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2461
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442

Qy        2462 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2521
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502

Qy        2522 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2581
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562

Qy        2582 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2641
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622

Qy        2642 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2701
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682

Qy        2702 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2761
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742

Qy        2762 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2821
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802

Qy        2822 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2881
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862

Qy        2882 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2941
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922

Qy        2942 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3001
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982

Qy        3002 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3061
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042

Qy        3062 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3121
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102

Qy        3122 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3181
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162

Qy        3182 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3241
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222

Qy        3242 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3301
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282

Qy        3302 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3361
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342

Qy        3362 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3421
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402

Qy        3422 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3481
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462

Qy        3482 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3541
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522

Qy        3542 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3601
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582

Qy        3602 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3661
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642

Qy       3662 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3721
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702

Qy       3722 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3781
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762

Qy       3782 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3816
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3797


RESULT 9
US-09-843-159B-1
; Sequence 1, Application US/09843159B
; Patent No. 6887675
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Yin
;  APPLICANT:  Chan, Evan
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods
;  FILE REFERENCE: A-68292-2/RMS/DHR
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/843,159B
;  CURRENT FILING DATE:  2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 17
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 3797
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-843-159B-1

  Query Match             88.9%;  Score 3393.4;  DB 3;  Length 3797;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3394;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        422 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 481
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462

Qy        482 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 541
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522

Qy        542 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 601
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582

Qy        602 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 661
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642

Qy        662 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 721
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702

Qy        722 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 781
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762

Qy        782 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 841
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822

Qy        842 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 901
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882

Qy        902 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 961
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942

Qy        962 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1021
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002

Qy       1022 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1081
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062

Qy       1082 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1141
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122

Qy       1142 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1201
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182

Qy       1202 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1261
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242

Qy       1262 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1321
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302

Qy       1322 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1381
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362

Qy       1382 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1441
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422

Qy       1442 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1501
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482

Qy       1502 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1561
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542

Qy       1562 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1621
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602

Qy       1622 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1681
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662

Qy       1682 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1741
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722

Qy       1742 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1801
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782

Qy       1802 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1861
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842

Qy       1862 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1921
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902

Qy       1922 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1981
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962

Qy         1982 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2041
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022

Qy         2042 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2101
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082

Qy         2102 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2161
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142

Qy         2162 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2221
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202

Qy         2222 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2281
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262

Qy         2282 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2341
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322

Qy         2342 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2401
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382

Qy         2402 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2461
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442

Qy         2462 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2521
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502

Qy         2522 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2581
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562

Qy         2582 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2641
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622

Qy         2642 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2701
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682

Qy         2702 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2761
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742

Qy         2762 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2821
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802

Qy         2822 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2881
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862

Qy         2882 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2941
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922

Qy         2942 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3001
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982

Qy         3002 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3061
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042

Qy         3062 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3121
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102

Qy         3122 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3181
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162

Qy         3182 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3241
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222

Qy         3242 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3301
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282

Qy         3302 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3361
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342

Qy         3362 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3421
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402

Qy         3422 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3481
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462

Qy         3482 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3541
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522

Qy         3542 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3601
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582

Qy         3602 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3661
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642

Qy         3662 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3721
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702

Qy         3722 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3781
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762

Qy         3782 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3816
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3797

RESULT 10
US-09-427-154-1
; Sequence 1, Application US/09427154
; Patent No. 6589725
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT:  Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  TITLE OF INVENTION:  TANKYRASE H, COMPOSTIONS INVOLVED IN THE CELL CYCLE AND
;  TITLE OF INVENTION:  METHODS OF USE
;  FILE REFERENCE:  A-68292-DJB/RMS/DAV
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/427,154
;  CURRENT FILING DATE:  1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS:  9
;  SOFTWARE:  PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 3394
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-427-154-1

  Query Match             88.8%;  Score 3387.6;  DB 3;  Length 3394;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3390;  Conservative    0;  Mismatches    4;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        423 GGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCA 482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCA 60

Qy        483 CGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTA 542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 CGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTA 120

Qy        543 GTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACT 602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACT 180

Qy        603 CCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCAT 662
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 CCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCAT 240

Qy        663 GGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCA 722
              ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GGAGCTGAGCCAACCATCCTAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCA 300

Qy        723 TCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGG 782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGG 360

Qy        783 AGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCA 842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 AGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCA 420

Qy        843 AGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATT 902
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 AGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATT 480

Qy        903 GTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTA 962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 GTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTA 540

Qy        963 CCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCAT 1022
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 CCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCAT 600

Qy       1023 GGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCT 1082
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 GGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCT 660

Qy       1083 AAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTC 1142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 AAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTC 720

Qy       1143 AATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTA 1202
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 AATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTA 780

Qy       1203 GCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGA 1262
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 GCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGA 840

Qy       1263 ATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACA 1322
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 ATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACA 900

Qy       1323 GCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTG 1382
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 GCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTG 960

Qy       1383 CTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTG 1442
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 CTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTG 1020

Qy       1443 GCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTT 1502
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 GCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTT 1080

Qy       1503 AATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTA 1562
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 AATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTA 1140

Qy       1563 CAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGC 1622
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 CAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGC 1200

Qy       1623 TTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCA 1682
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 TTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCA 1260

Qy       1683 TTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAA 1742
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 TTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAA 1320

Qy       1743 ACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAG 1802
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 ACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAG 1380

Qy       1803 TCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTA 1862
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 TCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTA 1440

Qy       1863 CAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCA 1922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCA 1500

Qy       1923 TGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAAT 1982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 TGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAAT 1560

Qy       1983 GTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAA 2042
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAA 1620

Qy       2043 ATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAAT 2102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 ATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAAT 1680

Qy       2103 ACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGAT 2162
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  |||||||||||||||||
Db       1681 ACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCATTATCTGCTTAGGGGAGAT 1740

Qy       2163 GCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCT 2222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 GCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCT 1800

Qy       2223 CCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCA 2282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCA 1860

Qy       2283 GCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAAT 2342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAAT 1920

Qy       2343 GCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGAT 2402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 GCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGAT 1980

Qy       2403 GTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTC 2462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 GTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTC 2040

Qy       2463 ACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCC 2522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 ACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCC 2100

Qy       2523 CATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCA 2582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCA 2160

Qy       2583 GCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGT 2642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGT 2220

Qy       2643 TACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCT 2702
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 TACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCT 2280

Qy       2703 TCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGG 2762
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGG 2340

Qy       2763 AGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTG 2822
              ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 AGTTTTTCAGAACTGTCTTCATTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTG 2400

Qy       2823 GAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGA 2882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGA 2460

Qy       2883 CTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAG 2942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAG 2520

Qy       2943 ATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTA 3002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 ATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTA 2580

Qy       3003 ATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTG 3062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 ATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTG 2640

Qy       3063 AACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAG 3122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAG 2700

Qy       3123 TCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGT 3182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 TCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGT 2760

Qy       3183 GGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGG 3242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGG 2820

Qy       3243 GAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAA 3302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAA 2880

Qy       3303 CGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAA 3362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 CGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAA 2940

Qy       3363 AGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCC 3422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCC 3000

Qy       3423 AAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGAC 3482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 AAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGAC 3060

Qy       3483 AGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCT 3542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 AGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCT 3120

Qy       3543 TTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACT 3602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACT 3180
```

```
Qy       3603 GGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAG 3662
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAG 3240

Qy       3663 GCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGA 3722
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 GCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGA 3300

Qy       3723 TAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGC 3782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 TAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGC 3360

Qy       3783 CTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3816
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3394


RESULT 11
US-09-972-115A-3
; Sequence 3, Application US/09972115A
; Patent No. 6599728
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:  Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 4297
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (1)..(3801)
;   OTHER INFORMATION:
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1)..(1)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (125)..(125)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (293)..(293)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (328)..(328)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (341)..(341)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (378)..(378)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (415)..(415)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (432)..(432)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (459)..(459)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (496)..(496)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (517)..(517)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (534)..(534)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (553)..(553)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (562)..(562)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (614)..(614)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (619)..(619)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (632)..(632)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (637)..(637)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (643)..(643)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (680)..(680)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (682)..(682)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (711)..(713)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1971)..(1971)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2000)..(2000)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2175)..(2175)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2180)..(2180)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2205)..(2205)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2221)..(2221)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2289)..(2289)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2316)..(2316)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2359)..(2674)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2977)..(2977)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2291)..(2291)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
US-09-972-115A-3

  Query Match             87.6%;  Score 3341;  DB 3;  Length 4297;
  Best Local Similarity   89.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 3400;  Conservative    8;  Mismatches  402;  Indels   12;  Gaps    2;

Qy           1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
               ||||||||  |  ||||||||||||||||||||||||||||||||| |||  ||
Db          74 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCATCGAANGGGCGCGC 133

Qy          61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
                 ||    | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         134 GTGGGCGCGGCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 193

Qy         121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         194 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 253

Qy         181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db         254 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCANGATCATGTCGGGTCGCCGCT 313

Qy         241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
               |||||||||||||| |||||||||||| |||||||||||| |||||||| ||||||||||
Db         314 GCGCCGGCGGGGGANCGGCCTGCGCGANCGCCGCGGCCGAAGCCGTGGAACCGGCCGCCC 373

Qy         301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
               || | |||||||| ||||||||||||||||||||||||||| |||||| ||||||||| |
Db         374 GAAANCTGTTCGAAGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGANTCAAGAAGCTGGTGACNC 433

Qy         361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
               ||||:|||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||: |||
Db         434 CTGARAAGGTGAACAGCCGCGACACNGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTYCCCG 493

Qy         421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
               || ||||||||||||||||| || ||:||||||||||||| ||||||||||||||:|||
Db         494 CANGTTTTGGGCGGAAAGACTTANTTRAATATTTGCTTCANAATGGTGCAAATGTYCAAN 553

Qy         481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
               |||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||:||
Db         554 CACGTGATNATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCMTGCTRAAA 613
```

```
Qy     541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
              || |||||||||||| |||| ||||| |:||||||||||||||||||||||||||||
Db     614 NTATCNATCTCCTTTTGCNACATNGTGCANAMCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 673

Qy     601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
           |||||| | ||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||
Db     674 CTCCTCNCNATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGANNNTTGCATTGTGCTGTTACAGC 733

Qy     661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     734 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 793

Qy     721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     794 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 853

Qy     781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     854 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 913

Qy     841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     914 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 973

Qy     901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     974 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1033

Qy     961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1034 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1093

Qy    1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1094 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1153

Qy    1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1154 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1213

Qy    1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1214 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1273

Qy    1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1274 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1333

Qy    1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1334 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1393

Qy    1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1394 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1453

Qy    1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1454 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1513

Qy    1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1514 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1573

Qy    1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1574 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1633

Qy    1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1634 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1693

Qy    1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1694 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1753

Qy    1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1754 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1813

Qy    1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1814 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1873

Qy    1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1874 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1933

Qy    1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Db    1934 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGNGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1993

Qy    1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
           |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1994 CATGTTNTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2053

Qy    1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2054 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2113

Qy    2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAAACAGGATGGAA 2100
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||| |  | ||||
Db    2114 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAAAAAAAAAGGAA 2173

Qy    2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
           | | || |||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||| ||||||||||||
Db    2174 ANATTCNTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGANACAGATATTCAAGATNTGCTTAGGGGAG 2233

Qy    2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
           |||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||
Db    2234 ATGCAGTTTTGTTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTNTNTT 2293

Qy    2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
            ||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2294 TTCCTGATAATGTAAATTGCCGNGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2353

Qy    2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
           ||   |||
Db    2354 CA---GGTNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2410

Qy    2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400

Db    2411 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2470

Qy    2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460

Db    2471 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2530

Qy    2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520

Db    2531 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2590

Qy    2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580

Db    2591 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2650

Qy    2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
                                   |||||||||||||||||||||||| |||||||||||
Db    2651 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGTTCTGCCCTCTT 2710

Qy    2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
           || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2711 GTAACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2770

Qy    2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2771 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2830

Qy        2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2831 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2890

Qy        2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2891 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2950

Qy        2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
               |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2951 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTNAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 3010

Qy        2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
               |||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||
Db        3011 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGWATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3070

Qy        3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
               |||||||| |  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3071 TAATTAAAAGTTTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3130

Qy        3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3131 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3190

Qy        3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3191 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3250

Qy        3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAAC---------A 3231
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||         |
Db        3251 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAGAGCCAAGA 3310

Qy        3232 AGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACC 3291
                    |    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3311 TTCGGCACGAGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACC 3370

Qy        3292 ATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAG 3351
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3371 ATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAG 3430

Qy        3352 GCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTG 3411
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3431 GCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTG 3490

Qy        3412 AAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAG 3471
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3491 AAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAG 3550

Qy        3472 TTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCT 3531
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3551 TTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCT 3610

Qy        3532 TGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATC 3591
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3611 TGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATC 3670

Qy        3592 ACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACA 3651
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3671 ACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACA 3730

Qy        3652 GAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTA 3711
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3731 GAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTA 3790

Qy        3712 TGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAA 3771
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3791 TGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAA 3850

Qy        3772 GCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3851 GCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3892
```

```
RESULT 12
US-09-972-115A-1
; Sequence 1, Application US/09972115A
; Patent No. 6599728
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:  Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 4493
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (1)..(3999)
;   OTHER INFORMATION:
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1)..(586)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (596)..(597)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (621)..(621)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (626)..(626)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (629)..(629)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (638)..(638)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (693)..(694)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (724)..(724)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (730)..(730)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (764)..(764)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (791)..(791)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;     NAME/KEY: misc_feature
;     LOCATION: (2148)..(2148)
;     OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;     OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;     NAME/KEY: misc_feature
;     LOCATION: (2177)..(2177)
;     OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;     OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;     NAME/KEY: misc_feature
;     LOCATION: (2382)..(2382)
;     OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;     OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;     NAME/KEY: misc_feature
;     LOCATION: (2398)..(2398)
;     OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;     OTHER INFORMATION:, in to provide alignment.
;     NAME/KEY: misc_feature
;     LOCATION: (2466)..(2466)
;     OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;     OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;     NAME/KEY: misc_feature
;     LOCATION: (2468)..(2468)
;     OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;     OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;     NAME/KEY: misc_feature
;     LOCATION: (2493)..(2493)
;     OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;     OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;     NAME/KEY: misc_feature
;     LOCATION: (2536)..(2860)
;     OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;     OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;     NAME/KEY: misc_feature
;     LOCATION: (3163)..(3163)
;     OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;     OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;     NAME/KEY: misc_feature
;     LOCATION: (3488)..(3499)
;     OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;     OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
US-09-972-115A-1

  Query Match             79.6%;  Score 3039;  DB 3;  Length 4493;
  Best Local Similarity   88.5%;  Pred. No. 0;
  Matches 3101;  Conservative    1;  Mismatches  375;  Indels   27;  Gaps    2;

Qy        337 AACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGA 396
              ||| | ||   ||||||||||| ||||| ||||| |||| || | |||||| ||||||||
Db        587 AACCATTCCNNAGGCTGGTGACCCCTGAAAAGGTNAACANCCNCAACACGGNGGGCAGGA 646

Qy        397 AATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGC 456
              |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||| || |  || |||||||||
Db        647 AATCCACCCCGCTGCACTTCCCCGCAGGTTTTGGGCGGAAAAACCTNNTTAAATATTTGC 706

Qy        457 TTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATG 516
              |||| |||||||||||| ||||| ||| | || |||||||||||||||||||||||| ||
Db        707 TTCAAAATGGTGCAAATNTCCAANCACTTTATAATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATANTG 766

Qy        517 CATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCA 576
              |||||||||||||||||||| ||    |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        767 CATGCTCTTTTGGTCATGCTAAAANTATCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCA 826

Qy        577 ATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTG 636
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        827 ATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTG 886

Qy        637 ATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAA 696
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        887 ATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAA 946

Qy        697 GGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGA 756
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        947 GGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGA 1006

Qy        757 AAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCA 816
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1007 AAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCA 1066

Qy        817 CACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGG 876
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1067 CACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGG 1126

Qy        877 CAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCC 936
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1127 CAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCC 1186

Qy        937 ATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATG 996
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1187 ATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATG 1246

Qy        997 AAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAAT 1056
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1247 AAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAAT 1306

Qy       1057 TCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAA 1116
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1307 TCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAA 1366

Qy       1117 GTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTC 1176
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1367 GTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTC 1426

Qy       1177 CCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAG 1236
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1427 CCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAG 1486

Qy       1237 CTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATT 1296
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1487 CTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATT 1546

Qy       1297 TCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCA 1356
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1547 TCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCA 1606

Qy       1357 AAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTA 1416
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1607 AAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTA 1666

Qy       1417 AAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAG 1476
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1667 AAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAG 1726

Qy       1477 TAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTAC 1536
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1727 TAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTAC 1786

Qy       1537 ACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTG 1596
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1787 ACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTG 1846

Qy       1597 ATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTAC 1656
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1847 ATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTAC 1906

Qy       1657 AGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGG 1716
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1907 AGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGG 1966

Qy       1717 AAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCA 1776
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1967 AAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCA 2026

Qy       1777 ACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACA 1836
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2027 ACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACA 2086
```

```
Qy        1837 GAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAG 1896
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2087 GAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAG 2146

Qy        1897 GAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTC 1956
               | |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db        2147 GNGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTNTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTC 2206

Qy        1957 TTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATG 2016
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2207 TTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATG 2266

Qy        2017 AAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACC 2076
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2267 AAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACC 2326

Qy        2077 CTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAG 2136
               |||| ||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||| ||||
Db        2327 CTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCTTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGANACAG 2386

Qy        2137 ATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTT 2196
               ||||||||||| |||||||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||
Db        2387 ATATTCAAGATNTGCTTAGGGGAGATGCAGTTTTGTTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTT 2446

Qy        2197 TAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCA 2256
               ||||||||||||||||||| | || ||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db        2447 TAGCCAGAGTGAAGAAGTTNTNTTTTCCTGATAATGTAAATTGCCGNGATACCCAAGGCA 2506

Qy        2257 GACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCT------GGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAG 2310
               ||||||||||||||||||||||||||| |
Db        2507 GACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGGTNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2566

Qy        2311 AGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTT 2370

Db        2567 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2626

Qy        2371 TACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATG 2430

Db        2627 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2686

Qy        2431 CATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGG 2490

Db        2687 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2746

Qy        2491 GACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATC 2550

Db        2747 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2806

Qy        2551 AGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAG 2610
                                                                     ||||||
Db        2807 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNTGACAG 2866

Qy        2611 CAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGA 2670
               |||||||||||||||||| ||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Db        2867 CAGCCATGCCCCCATCTGTTCTGCCCTCTTGTAACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGA 2926

Qy        2671 GAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTT 2730
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2927 GAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTT 2986

Qy        2731 CTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTA 2790
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2987 CTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTA 3046

Qy        2791 GTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATT 2850
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3047 GTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATT 3106

Qy        2851 TTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGA 2910
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Db        3107 TTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTNAGA 3166

Qy        2911 GAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTG 2970
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3167 GAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTG 3226

Qy        2971 GAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCG 3030
               |:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3227 GWATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCG 3286

Qy        3031 GACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTA 3090
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3287 GACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTA 3346

Qy        3091 TAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAG 3150
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3347 TAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAG 3406

Qy        3151 TTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCA 3210
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3407 TTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCA 3466

Qy        3211 AGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG---------------------GGAAAGAT 3249
               |||||||||||||||||||||                               ||||||||
Db        3467 AGATTCAGAAGGTTTGTAACANNNNNNNNNNNNGAGCCAAGATTCGGCACGAGGAAAGAT 3526

Qy        3250 ACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGC 3309
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3527 ACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGC 3586

Qy        3310 TATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATG 3369
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3587 TATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATG 3646

Qy        3370 CGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCA 3429
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3647 CGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCA 3706

Qy        3430 ATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTT 3489
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3707 ATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTT 3766

Qy        3490 GTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGC 3549
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3767 GTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGC 3826

Qy        3550 AGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGC 3609
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3827 AGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGC 3886

Qy        3610 CCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATC 3669
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3887 CCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATC 3946

Qy        3670 CTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAG 3729
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3947 CTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAG 4006

Qy        3730 TTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACG 3789
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4007 TTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACG 4066

Qy        3790 TTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
               ||||||||||||||||||||||||
Db        4067 TTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 4090


RESULT 13
US-09-196-387-1
; Sequence 1, Application US/09196387
; Patent No. 6277613
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  de Lange, Titia
;    APPLICANT:  Smith, Susan
;    TITLE OF INVENTION:  A PROTEIN THAT BINDS TO TRF1 AND METHODS
;    TITLE OF INVENTION:  OF USE THEREOF
;    NUMBER OF SEQUENCES:  12
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Klauber & Jackson
;      STREET:  411 Hackensack Avenue, 4th Floor
;      CITY:  Hackensack
;      STATE:  New Jersey
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  07601
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/09/196,387
;      FILING DATE:
;      CLASSIFICATION:
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  09/095,225
;      FILING DATE:  June 10, 1998
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Jackson Esq., David A.
;      REGISTRATION NUMBER:  26,742
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  600-1-230 CIP1
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  201-487-5800
;      TELEFAX:  201-343-1684
;      TELEX:  133521
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  1:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  4134 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  double
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  cDNA
;    HYPOTHETICAL:  NO
US-09-196-387-1

  Query Match             49.4%;  Score 1885;  DB 3;  Length 4134;
  Best Local Similarity   72.1%;  Pred. No. 0;
  Matches 2496;  Conservative    0;  Mismatches  940;  Indels   27;  Gaps    2;

Qy         252 GGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAGAGCTGTTC 311
               || || ||  |  |  |  | | || |   || |||     ||||   || || ||| |
Db         507 GGGGCAGCAGGACCTGGGACAGGGGTCCCAGCAGTGAGCGGGGCCCTACGGGAACTGCTG 566

Qy         312 GAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTGAGAAGGTG 371
               ||||| || ||||| |||||||||   || || ||||||||||||    | |  || ||
Db         567 GAGGCCTGTCGCAATGGGGACGTGTCCCGGGTAAAGAGGCTGGTGGACGCGGCAAACGTA 626

Qy         372 AACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAGGTTTTGGG 431
               ||       |||| ||| ||| |||| ||  | || ||||||||||| ||||||||||||
Db         627 AATGCAAAGGACATGGCCGGCCGGAAGTCTTCTCCCCTGCACTTCGCTGCAGGTTTTGGA 686

Qy         432 CGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCACGTGATGAT 491
                |||| || || || ||| | || || ||||  ||||| |||||||| || |||||||||
Db         687 AGGAAGGATGTTGTAGAACACTTACTACAGATGGGTGCTAATGTCCACGCTCGTGATGAT 746

Qy         492 GGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTC 551
               || || || || || |||||||||||| || |||||||| |||||||| || || | |||
Db         747 GGAGGTCTCATCCCGCTTCATAATGCCTGTTCTTTTGGCCATGCTGAGGTTGTGAGTCTG 806

Qy         552 CTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCAT 611
                | ||| | || || || || || |||||  | ||||| ||||| ||||| ||||| |||
Db         807 TTATTGTGCCAAGGAGCTGATCCAAATGCCAGGGATAACTGGAACTATACACCTCTGCAT 866

Qy         612 GAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAG 671
               |||||||| |||||||| ||||| ||||| |||||||||||| | ||||| ||||||||
Db         867 GAAGCTGCTATTAAAGGGAAGATCGATGTGTGCATTGTGCTGCTGCAGCACGGAGCTGAC 926

Qy         672 CCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAA 731
               |||| ||| || || || ||||| |   ||||  ||||  | |||||||| || || |||
Db         927 CCAAACATTCGGAACACTGATGGGAAATCAGCCCTGGACCTGGCAGATCCTTCAGCAAAA 986
```

```
Qy         732 GCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAAT 791
               || || ||||| |||||||| |||||||| |||||| |||||  ||| |||||||| |||
Db         987 GCTGTCCTTACAGGTGAATACAAGAAAGACGAACTCCTAGAAGCTGCTAGGAGTGGTAAT 1046

Qy         792 GAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGC 851
               ||||||||| | |||||| |||| || ||  ||||||| || ||||| |||||||||||
Db        1047 GAAGAAAAACTAATGGCTTTACTGACTCCTCTAAATGTGAATTGCCATGCAAGTGATGGG 1106

Qy         852 AGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTG 911
                ||||||| ||||| |||||| | ||||| || || ||||||||    || || |||||
Db        1107 CGAAAGTCGACTCCTTTACATCTAGCAGCGGGCTACAACAGAGTTCGAATAGTTCAGCTT 1166

Qy         912 TTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACAC 971
                | || || ||||| |||||||| ||||| ||||| |||||||  || || ||  | ||
Db        1167 CTTCTTCAGCATGGTGCTGATGTTCATGCAAAAGACAAAGGTGGACTTGTGCCTCTTCAT 1226

Qy         972 AATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGT 1031
               ||||| ||||| ||||| ||||||||||| || |||||  |  | |||||||| || |||
Db        1227 AATGCATGTTCATATGGACATTATGAAGTCACAGAACTGCTACTAAAGCATGGAGCTTGT 1286

Qy        1032 GTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGG 1091
               || ||||| |||||  | ||||| || ||||| || || ||||| ||||| |||||| |
Db        1287 GTTAATGCCATGGATCTCTGGCAGTTTACTCCACTGCACGAGGCTGCTTCCAAGAACCGT 1346

Qy        1092 GTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCAC 1151
               || ||||| || ||| |  |  | ||  |||| || || || ||  |  |||| || ||
Db        1347 GTAGAAGTCTGCTCTTTGTTACTTAGCCATGGCGCTGATCCTACGTTAGTCAACTGCCAT 1406

Qy        1152 AATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAA 1211
                  ||||||||| | ||  ||||||| || ||  || | |  || |||||  | ||||||
Db        1407 GGCAAAAGTGCTGTGGATATGGCTCCAACTCCGGAGCTTAGGGAGAGATTGACTTATGAA 1466

Qy        1212 TTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAA 1271
               |||||||| || || || || ||||| ||  ||||||| ||  |  ||  | | ||||||
Db        1467 TTTAAAGGTCATTCTTTACTACAAGCAGCCAGAGAAGCAGACTTAGCTAAAGTTAAAAAA 1526

Qy        1272 CATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCAT 1331
                  ||| ||||||||||  | |||||||| || || ||  | |||||||||||| ||||
Db        1527 ACACTCGCTCTGGAAATCATTAATTTCAAACAACCGCAGTCTCATGAAACAGCACTGCAC 1586

Qy        1332 TGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAA 1391
               |||||||  || ||||   |||||||| | || ||| |    ||| |||| || ||||||
Db        1587 TGTGCTGTGGCCTCTCTGCATCCCAAACGTAAACAAGTGACAGAATTGTTACTTAGAAAA 1646

Qy        1392 GGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAG 1451
               ||||||||  | |||||||| | |||||| ||| ||||||| ||||| || ||| | ||
Db        1647 GGAGCAAATGTTAATGAAAAAAATAAAGATTTCATGACTCCCCTGCATGTTGCAGCCGAA 1706

Qy        1452 AAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTG 1511
               | ||| |||||||||||  | |||||  ||   || ||||  || ||| | ||||| |||
Db        1707 AGAGCCCATAATGATGTCATGGAAGTTCTGCATAAGCATGGCGCCAAGATGAATGCACTG 1766

Qy        1512 GATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGC 1571
               || |  |||||||||||| || | || ||||| ||       || || || || ||||||
Db        1767 GACACCCTTGGTCAGACTGCTTTGCATAGAGCCGCCCTAGCAGGCCACCTGCAGACCTGC 1826

Qy        1572 CGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCT 1631
               ||||| || ||||| || || | ||| ||   ||| || ||| | || ||||| || ||
Db        1827 CGCCTCCTGCTGAGTTACGGCTCTGACCCCTCCATCATCTCCTTACAAGGCTTCACAGCA 1886

Qy        1632 TTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAAT 1691
                 ||||||||| ||||||   || |||||  | ||    ||| |||   |  || ||| |
Db        1887 GCACAGATGGGCAATGAAGCAGTGCAGCAGATTCTGAGTGAGAGTACACCTATACGTACT 1946

Qy        1692 TCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAA 1751
               || || |  ||    | | |  | || ||  | || ||||||||  | |||||||| ||
Db        1947 TCTGATGTTGATTATCGACTCTTAGAGGCATCTAAAGCTGGAGACTTGGAAACTGTGAAG 2006

Qy        1752 AAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCA 1811
                |||| || |    ||| | ||| || || |||||| | || || || || || || ||
Db        2007 CAACTTTGCAGCTCTCAAAATGTGAATTGTAGAGACTTAGAGGGCCGGCATTCCACGCCC 2066
```

```
Qy   1812 CTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGA 1871
           | || || ||||| || || ||| | ||||| || || || || |||||||| || ||
Db   2067 TTACACTTCGCAGCAGGCTACAACCGCGTGTCTGTTGTAGAGTACCTGCTACACCACGGT 2126

Qy   1872 GCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTAT 1931
          || ||||| ||||| ||||| || || ||| | || ||  | || ||||| ||||| |||
Db   2127 GCCGATGTCCATGCCAAAGACAAGGGTGGCTTGGTGCCCCTTCATAATGCCTGTTCATAT 2186

Qy   1932 GGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGAT 1991
          ||||| ||||| || || || ||| | || |  ||||| ||    || ||||| || ||
Db   2187 GGACACTATGAGGTGGCTGAGCTTTTAGTAAGGCATGGGGCTTCTGTCAATGTGGCGGAC 2246

Qy   1992 TTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAA 2051
          |||||||||||||| ||| | |||||||||||||| |||||||| |||||||| |||||
Db   2247 TTATGGAAATTTACCCCTCTCCATGAAGCAGCAGCTAAAGGAAAGTATGAAATCTGCAAG 2306

Qy   2052 CTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTG 2111
          || ||  |  | ||||| ||||| || || ||||| ||||| ||||||||||| ||||||
Db   2307 CTCCTTTTAAAACATGGAGCAGATCCAACTAAAAAGAACAGAGATGGAAATACACCTTTG 2366

Qy   2112 GATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTG 2171
          ||| | || || || ||||| ||||||||||| ||  | || |  || ||||| ||||||
Db   2367 GATTTGGTAAAGGAAGGAGACACAGATATTCAGGACTTACTGAAAGGGGATGCTGCTTTG 2426

Qy   2172 CTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAAT 2231
           | ||||||||||||||||| ||  | || |||||| ||||| | | | | || || |||
Db   2427 TTGGATGCTGCCAAGAAGGGCTGCCTGGCAAGAGTGCAGAAGCTCTGTACCCCAGAGAAT 2486

Qy   2232 GTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTAT 2291
           | || ||| | || ||||| |||||| ||||||| ||| | ||  | ||||| || |||
Db   2487 ATCAACTGCAGAGACACCCAGGGCAGAAATTCAACCCCTCTGCACCTGGCAGCAGGCTAT 2546

Qy   2292 AATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGAC 2351
          |||||  | ||||| || || ||| |  || | || ||||||||||| |||||||| |||
Db   2547 AATAACCTGGAAGTAGCTGAATATCTTCTAGAGCATGGAGCTGATGTTAATGCCCAGGAC 2606

Qy   2352 AAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCT 2411
          || || ||  | |||||| | |||||||| |||||||| |||||||| ||  |||| |||
Db   2607 AAGGGTGGTTTAATTCCTCTTCATAATGCGGCATCTTATGGGCATGTTGACATAGCGGCT 2666

Qy   2412 CTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTG 2471
           || | ||||| || ||  | ||||| ||||| || || || ||||| || || ||  |
Db   2667 TTATTGATAAAATACAACACGTGTGTAAATGCAACAGATAAGTGGGCGTTTACTCCCCTC 2726

Qy   2472 CACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCT 2531
          || ||||||||||| || ||| | || ||||| || ||  |  | ||||| ||||| ||
Db   2727 CATGAAGCAGCCCAGAAAGGAAGGACGCAGCTGTGCGCCCTCCTCCTAGCGCATGGTGCA 2786

Qy   2532 GACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGAT 2591
          ||||| ||  | || || |||||||| || || ||| | ||| | |   |||| || |||
Db   2787 GACCCCACCATGAAGAACCAGGAAGGCCAGACGCCTCTGGATCTGGCAACAGCTGACGAT 2846

Qy   2592 GTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCT 2651
           |||| ||| | |||| ||  ||||||||||||   ||  | ||  | ||||  || |||
Db   2847 ATCAGAGCTTTGCTGATAGATGCCATGCCCCCAGAGGCCTTACCTACCTGTTTTAAACCT 2906

Qy   2652 CAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCA 2711
          || |                     |    |        |   ||||    |||    ||
Db   2907 CAGG---------------------CTACTGTAGTGAGTGCCTCTCTGATCTCACCAGCA 2945

Qy   2712 TCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCA 2771
          || | ||| ||  |||| || || ||||||||  | |||||| |  ||||   |||  ||
Db   2946 TCCACCCCCTCCTGCCTCTCGGCTGCCAGCAGCATAGACAACCTCACTGGCCCTTTAGCA 3005

Qy   2772 GAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAG 2831
          ||  || |   || ||     || | || |   || || ||  |  |    || |  |||
Db   3006 GAGTTGGCCGTAGGAGGAGCCTCCAATGCAGGGGATGGCGCCGCGGGAACAGAAAGGAAG 3065

Qy   2832 ------GAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTT 2885
                || ||| | ||  | ||  | |  || |  |||||  |||  |  ||||| |||
Db   3066 GAAGGAGAAGTTGCTGGTCTTGACATGAATATCAGCCAATTTCTAAAAAGCCTTGGCCTT 3125

Qy   2886 GAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATG 2945
          || |||||   |||||| ||||| | ||||||||| ||  | ||||| || | ||| |||
Db   3126 GAACACCTTCGGGATATCTTTGAAACAGAACAGATTACACTAGATGTGTTGGCTGATATG 3185

Qy   2946 GGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATT 3005
          || ||  | ||| |||| || || || |||||||| ||||| ||  | |||||| ||||
Db   3186 GGTCATGAAGAGTTGAAAGAAATAGGCATCAATGCATATGGGCACCGCCACAAATTAATC 3245

Qy   3006 AAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAAC 3065
          |||||||| || |||||  |    |||||||||||    || || ||||| |||||  ||
Db   3246 AAAGGAGTAGAAAGACTCTTAGGTGGACAACAAGGCACCAATCCTTATTTGACTTTTCAC 3305

Qy   3066 ACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCT 3125
               |  |   ||||| ||| |  | |||||  |||| || |||||||| | ||||||
Db   3306 TGTGTTAATCAGGGAACGATTTTGCTGGATCTTGCTCCAGAAGATAAAGAATATCAGTCA 3365

Qy   3126 GTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGA 3185
          ||||| |||||||||||||||||  ||||||| ||||||||||| ||| |||| || ||
Db   3366 GTGGAAGAAGAGATGCAAAGTACTATTCGAGAACACAGAGATGGTGGTAATGCTGGCGGC 3425

Qy   3186 ATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAA 3245
          |||||||||||||||||| |  |    ||||| || |||   ||||||||  |  ||||
Db   3426 ATCTTCAACAGATACAATGTCATTCGAATTCAAAAAGTTGTCAACAAGAAGTTGAGGGAG 3485

Qy   3246 AGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGA 3305
           | | |   |||||    || ||||| ||||| || || |||||||||  |||||| ||
Db   3486 CGGTTCTGCCACCGACAGAAGGAAGTGTCTGAGGAGAATCACAACCATCACAATGAGCGC 3545

Qy   3306 ATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGG 3365
          ||| | |||||||| ||||||||  | ||||| ||||| || ||||| ||||||||  |
Db   3546 ATGTTGTTTCATGGTTCTCCTTTCATTAATGCCATTATTCATAAAGGGTTTGATGAGCGA 3605

Qy   3366 CATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAA 3425
          ||||| |||||||| || |||||||| || || |||||||||||||||||||| || |||
Db   3606 CATGCATACATAGGAGGAATGTTTGGGGCCGGGATTTATTTTGCTGAAAACTCCTCAAAA 3665

Qy   3426 AGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGA 3485
          ||||| |||||||| ||||||||||||||||| || || || ||    ||||| |||||
Db   3666 AGCAACCAATATGTTTATGGAATTGGAGGAGGAACAGGCTGCCCTACACACAAGGACAGG 3725

Qy   3486 TCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTC 3545
          || || || || || ||||| ||  ||||||| ||  | || ||| | || || || ||
Db   3726 TCATGCTATATATGTCACAGACAAATGCTCTTCTGTAGAGTGACCCTTGGGAAATCCTTT 3785

Qy   3546 CTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGT 3605
          |||||||| ||  | ||||||||||| ||  | |||||||| || |||||||||| ||||
Db   3786 CTGCAGTTTAGCACCATGAAAATGGCCCACGCGCCTCCAGGGCACCACTCAGTCATTGGT 3845

Qy   3606 AGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCT 3665
          || || || || ||||| || ||||  ||||||||||| || |||||||||||||||||
Db   3846 AGACCGAGCGTCAATGGGCTGGCATATGCTGAATATGTCATCTACAGAGGAGAACAGGCA 3905

Qy   3666 TATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAG 3708
          || || |||||| | || ||||||||||| |||| ||| ||||
Db   3906 TACCCAGAGTATCTTATCACTTACCAGATCATGAAGCCAGAAG 3948

RESULT 14
US-09-841-835-1
; Sequence 1, Application US/09841835
; Patent No. 6506587
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  de Lange, Titia
;    APPLICANT:  Smith, Susan
;    TITLE OF INVENTION:  A PROTEIN THAT BINDS TO TRF1 AND METHODS
;    TITLE OF INVENTION:  OF USE THEREOF
;    NUMBER OF SEQUENCES:  12
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Klauber & Jackson
;      STREET:  411 Hackensack Avenue, 4th Floor
;      CITY:  Hackensack
;      STATE:  New Jersey
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  07601
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/09/841,835
;      FILING DATE:
;      CLASSIFICATION:
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  09/196,387
;      FILING DATE:
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Jackson Esq., David A.
;      REGISTRATION NUMBER:  26,742
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  600-1-230 CIP1
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  201-487-5800
;      TELEFAX:  201-343-1684
;      TELEX:  133521
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  1:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  4134 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  double
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  cDNA
;    HYPOTHETICAL:  NO
US-09-841-835-1

  Query Match             49.4%;  Score 1885;  DB 3;  Length 4134;
  Best Local Similarity   72.1%;  Pred. No. 0;
  Matches 2496;  Conservative    0;  Mismatches  940;  Indels   27;  Gaps    2;

Qy          252 GGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAGAGCTGTTC 311
                || || ||  |  |  |  | | || |   || |||     ||||   || || ||| |
Db          507 GGGGCAGCAGGACCTGGGACAGGGGTCCCAGCAGTGAGCGGGGCCCTACGGGAACTGCTG 566

Qy          312 GAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTGAGAAGGTG 371
                ||||| || ||||| |||||||||   || || |||||||||||||    | |  || ||
Db          567 GAGGCCTGTCGCAATGGGGACGTGTCCCGGGTAAAGAGGCTGGTGGACGCGGCAAACGTA 626

Qy          372 AACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAGGTTTTGGG 431
                ||       |||| ||| ||| |||| ||  | || ||||||||||| |||||||||||
Db          627 AATGCAAAGGACATGGCCGGCCGGAAGTCTTCTCCCCTGCACTTCGCTGCAGGTTTTGGA 686

Qy          432 CGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCACGTGATGAT 491
                 |||| || || || ||| | || || ||||  ||||| |||||||| || |||||||||
Db          687 AGGAAGGATGTTGTAGAACACTTACTACAGATGGGTGCTAATGTCCACGCTCGTGATGAT 746

Qy          492 GGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTC 551
                || || || || || ||||||||||| || |||||||| |||||||| || || | |||
Db          747 GGAGGTCTCATCCCGCTTCATAATGCCTGTTCTTTTGGCCATGCTGAGGTTGTGAGTCTG 806

Qy          552 CTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCAT 611
                 | ||| | || || || || |||||  | ||||| ||||| ||||| ||||| |||
Db          807 TTATTGTGCCAAGGAGCTGATCCAAATGCCAGGGATAACTGGAACTATACACCTCTGCAT 866

Qy          612 GAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAG 671
                |||||||| |||||||| ||||| ||||| |||||||||||| | ||||| ||||||||
Db          867 GAAGCTGCTATTAAAGGGAAGATCGATGTGTGCATTGTGCTGCTGCAGCACGGAGCTGAC 926

Qy          672 CCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAA 731
                |||| ||| || || ||||| |   ||||  ||||  | |||||||| || || |||
Db          927 CCAAACATTCGGAACACTGATGGGAAATCAGCCCTGGACCTGGCAGATCCTTCAGCAAAA 986

Qy          732 GCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAAT 791
                || || ||||| |||||||| |||||||| |||||| |||||  ||| ||||||| |||
Db          987 GCTGTCCTTACAGGTGAATACAAGAAAGACGAACTCCTAGAAGCTGCTAGGAGTGGTAAT 1046

Qy          792 GAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGC 851
                ||||||||| | |||||| |||| || ||  ||||||| || ||||| |||||||||||
Db         1047 GAAGAAAAACTAATGGCTTTACTGACTCCTCTAAATGTGAATTGCCATGCAAGTGATGGG 1106

Qy          852 AGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTG 911
                 ||||||| ||||| |||||| | ||||| || || ||||||||    || ||  |||||
Db         1107 CGAAAGTCGACTCCTTTACATCTAGCAGCGGGCTACAACAGAGTTCGAATAGTTCAGCTT 1166

Qy          912 TTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACAC 971
                 | || || ||||| |||||||| ||||| ||||| |||||||  || || ||  | ||
Db         1167 CTTCTTCAGCATGGTGCTGATGTTCATGCAAAAGACAAAGGTGGACTTGTGCCTCTTCAT 1226

Qy          972 AATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGT 1031
                ||||| ||||| ||||| ||||||||||| || |||||  |  | |||||||| || |||
Db         1227 AATGCATGTTCATATGGACATTATGAAGTCACAGAACTGCTACTAAAGCATGGAGCTTGT 1286

Qy         1032 GTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGG 1091
                || ||||| |||||  | ||||| || ||||| || || ||||| ||||| |||||| |
Db         1287 GTTAATGCCATGGATCTCTGGCAGTTTACTCCACTGCACGAGGCTGCTTCCAAGAACCGT 1346

Qy         1092 GTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCAC 1151
                || ||||| || ||| |  |  | ||  |||| || || || ||  |  |||| || ||
Db         1347 GTAGAAGTCTGCTCTTTGTTACTTAGCCATGGCGCTGATCCTACGTTAGTCAACTGCCAT 1406

Qy         1152 AATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAA 1211
                   |||||||||| | ||  ||||||| || ||  || | |  || |||||  | ||||||
Db         1407 GGCAAAAGTGCTGTGGATATGGCTCCAACTCCGGAGCTTAGGGAGAGATTGACTTATGAA 1466

Qy         1212 TTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAA 1271
                |||||||| || || || || ||||| ||  ||||||| ||  |  ||  | | ||||||
Db         1467 TTTAAAGGTCATTCTTTACTACAAGCAGCCAGAGAAGCAGACTTAGCTAAAGTTAAAAAA 1526

Qy         1272 CATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCAT 1331
                   ||| ||||||||||  | |||||||| || || ||  | |||||||||||| ||||
Db         1527 ACACTCGCTCTGGAAATCATTAATTTCAAACAACCGCAGTCTCATGAAACAGCACTGCAC 1586

Qy         1332 TGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAA 1391
                |||||||  || ||||   |||||||| | || ||| |    ||| |||| || ||||||
Db         1587 TGTGCTGTGGCCTCTCTGCATCCCAAACGTAAACAAGTGACAGAATTGTTACTTAGAAAA 1646

Qy         1392 GGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAG 1451
                ||||||||  | |||||||| | |||||| ||| ||||||| ||||| || ||| | ||
Db         1647 GGAGCAAATGTTAATGAAAAAAATAAAGATTTCATGACTCCCCTGCATGTTGCAGCCGAA 1706

Qy         1452 AAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTG 1511
                | ||| |||||||||||  | |||||  ||   || ||||  || ||| | ||||| |||
Db         1707 AGAGCCCATAATGATGTCATGGAAGTTCTGCATAAGCATGGCGCCAAGATGAATGCACTG 1766

Qy         1512 GATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGC 1571
                || |  ||||||||||||| || | || ||||| ||       || || || || ||||||
Db         1767 GACACCCTTGGTCAGACTGCTTTGCATAGAGCCGCCCTAGCAGGCCACCTGCAGACCTGC 1826

Qy         1572 CGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCT 1631
                ||||| || ||||| || || | ||| ||   ||| || ||| | || ||||| || ||
Db         1827 CGCCTCCTGCTGAGTTACGGCTCTGACCCCTCCATCATCTCCTTACAAGGCTTCACAGCA 1886

Qy         1632 TTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAAT 1691
                  ||||||||| ||||||   || |||||  | ||    ||| |||   |  || ||| |
Db         1887 GCACAGATGGGCAATGAAGCAGTGCAGCAGATTCTGAGTGAGAGTACACCTATACGTACT 1946

Qy         1692 TCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAA 1751
                || || |  ||    | | |  | || ||  | || ||||||||  | |||||||| ||
Db         1947 TCTGATGTTGATTATCGACTCTTAGAGGCATCTAAAGCTGGAGACTTGGAAACTGTGAAG 2006

Qy         1752 AAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCA 1811
                 |||| || |    ||| | ||| || || |||||| | || || || || || || ||
Db         2007 CAACTTTGCAGCTCTCAAAATGTGAATTGTAGAGACTTAGAGGGCCGGCATTCCACGCCC 2066

Qy         1812 CTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGA 1871
                 | || || ||||| || || ||| | ||||| || || || || |||||||| || ||
Db         2067 TTACACTTCGCAGCAGGCTACAACCGCGTGTCTGTTGTAGAGTACCTGCTACACCACGGT 2126

Qy         1872 GCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTAT 1931
                || ||||| ||||| |||||| || || ||| | || ||  | || ||||| ||||| |||
Db         2127 GCCGATGTCCATGCCAAAGACAAGGGTGGCTTGGTGCCCCTTCATAATGCCTGTTCATAT 2186
```

```
Qy        1932 GGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGAT 1991
               ||||| ||||| || || || ||| | || |  ||||| ||    || ||||| || ||
Db        2187 GGACACTATGAGGTGGCTGAGCTTTTAGTAAGGCATGGGGCTTCTGTCAATGTGGCGGAC 2246

Qy        1992 TTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAA 2051
               |||||||||||||| ||| | |||||||||||||| ||||||||| |||||||| |||||
Db        2247 TTATGGAAATTTACCCCTCTCCATGAAGCAGCAGCTAAAGGAAAGTATGAAATCTGCAAG 2306

Qy        2052 CTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTG 2111
               || ||  |  | ||||| ||||| || || ||||| ||||| ||||||||||| ||||||
Db        2307 CTCCTTTTAAAACATGGAGCAGATCCAACTAAAAAGAACAGAGATGGAAATACACCTTTG 2366

Qy        2112 GATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTG 2171
               ||| | || || || ||||| ||||||||||| ||  | ||    || ||||| ||||||
Db        2367 GATTTGGTAAAGGAAGGAGACACAGATATTCAGGACTTACTGAAAGGGGATGCTGCTTTG 2426

Qy        2172 CTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAAT 2231
                | ||||||||||||||||| ||  | || |||||| ||||| | | | | || || |||
Db        2427 TTGGATGCTGCCAAGAAGGGCTGCCTGGCAAGAGTGCAGAAGCTCTGTACCCCAGAGAAT 2486

Qy        2232 GTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTAT 2291
                | || ||| | || ||||| |||||| ||||||| ||| | ||  | ||||| || |||
Db        2487 ATCAACTGCAGAGACACCCAGGGCAGAAATTCAACCCCTCTGCACCTGGCAGCAGGCTAT 2546

Qy        2292 AATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGAC 2351
               |||||  | ||||| || || ||| |  || | || ||||||||||| |||||||| |||
Db        2547 AATAACCTGGAAGTAGCTGAATATCTTCTAGAGCATGGAGCTGATGTTAATGCCCAGGAC 2606

Qy        2352 AAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCT 2411
               || || ||  | |||||| | |||||||| |||||||| |||||||| ||  |||| |||
Db        2607 AAGGGTGGTTTAATTCCTCTTCATAATGCGGCATCTTATGGGCATGTTGACATAGCGGCT 2666

Qy        2412 CTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTG 2471
                || | ||||| || ||  | ||||| ||||| || || || ||||| || || ||  |
Db        2667 TTATTGATAAAATACAACACGTGTGTAAATGCAACAGATAAGTGGGCGTTTACTCCCCTC 2726

Qy        2472 CACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCT 2531
               || ||||||||||| || ||| | |  ||||| || ||  |  | ||||| ||||| ||
Db        2727 CATGAAGCAGCCCAGAAAGGAAGGACGCAGCTGTGCGCCCTCCTCCTAGCGCATGGTGCA 2786

Qy        2532 GACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGAT 2591
               ||||| ||  | || || ||||||||| || || ||| | ||| | |   |||| || |||
Db        2787 GACCCCACCATGAAGAACCAGGAAGGCCAGACGCCTCTGGATCTGGCAACAGCTGACGAT 2846

Qy        2592 GTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCT 2651
                |||| ||| | |||| ||  ||||||||||||   ||  | ||  | ||||  || |||
Db        2847 ATCAGAGCTTTGCTGATAGATGCCATGCCCCCAGAGGCCTTACCTACCTGTTTTAAACCT 2906

Qy        2652 CAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCA 2711
               || |                     |    |        |   ||||    |||    ||
Db        2907 CAGG---------------------CTACTGTAGTGAGTGCCTCTCTGATCTCACCAGCA 2945

Qy        2712 TCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCA 2771
               || | ||| ||  |||| || || ||||||||  | |||||| |  ||||   |||  ||
Db        2946 TCCACCCCCTCCTGCCTCTCGGCTGCCAGCAGCATAGACAACCTCACTGGCCCTTTAGCA 3005

Qy        2772 GAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAG 2831
               ||  || |   || ||     || | || |   || || ||  |  |    || |  |||
Db        3006 GAGTTGGCCGTAGGAGGAGCCTCCAATGCAGGGGATGGCGCCGCGGGAACAGAAAGGAAG 3065

Qy        2832 ------GAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTT 2885
                     || ||| | ||  | ||  |    || |  |||||  |||  |  ||||| |||
Db        3066 GAAGGAGAAGTTGCTGGTCTTGACATGAATATCAGCCAATTTCTAAAAAGCCTTGGCCTT 3125

Qy        2886 GAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATG 2945
               || |||||   |||||| ||||| | ||||||||| ||  | ||||| || | ||| |||
Db        3126 GAACACCTTCGGGATATCTTTGAAACAGAACAGATTACACTAGATGTGTTGGCTGATATG 3185

Qy        2946 GGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATT 3005
               || ||  | ||| |||| || || || |||||||| ||||| ||  | ||||||| ||||
Db        3186 GGTCATGAAGAGTTGAAAGAAATAGGCATCAATGCATATGGGCACCGCCACAAATTAATC 3245

Qy        3006 AAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAAC 3065
               |||||||| || |||||  |    |||||||||||    || || ||||| |||||  ||
Db        3246 AAAGGAGTAGAAAGACTCTTAGGTGGACAACAAGGCACCAATCCTTATTTGACTTTTCAC 3305

Qy        3066 ACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCT 3125
                    |  |   ||||| ||| |  | |||||  |||| || |||||||| | |||||||
Db        3306 TGTGTTAATCAGGGAACGATTTTGCTGGATCTTGCTCCAGAAGATAAAGAATATCAGTCA 3365

Qy        3126 GTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGA 3185
               ||||| |||||||||||||||||  ||||||| |||||||||||| ||| |||| || ||
Db        3366 GTGGAAGAAGAGATGCAAAGTACTATTCGAGAACACAGAGATGGTGGTAATGCTGGCGGC 3425

Qy        3186 ATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAA 3245
               |||||||||||||||||| |  |    |||||| || |||   ||||||||  |  ||||
Db        3426 ATCTTCAACAGATACAATGTCATTCGAATTCAAAAAGTTGTCAACAAGAAGTTGAGGGAG 3485

Qy        3246 AGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGA 3305
                | | |   |||||    || ||||| ||||| || || |||||||||  |||||| ||
Db        3486 CGGTTCTGCCACCGACAGAAGGAAGTGTCTGAGGAGAATCACAACCATCACAATGAGCGC 3545

Qy        3306 ATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGG 3365
               ||| | |||||||| ||||||||  | ||||| ||||| || ||||| ||||||||  |
Db        3546 ATGTTGTTTCATGGTTCTCCTTTCATTAATGCCATTATTCATAAAGGGTTTGATGAGCGA 3605

Qy        3366 CATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAA 3425
               ||||| |||||||| || |||||||| || || |||||||||||||||||||| || |||
Db        3606 CATGCATACATAGGAGGAATGTTTGGGGCCGGGATTTATTTTGCTGAAAACTCCTCAAAA 3665

Qy        3426 AGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGA 3485
               ||||| |||||||| ||||||||||||||||| || || || ||    ||||| |||||
Db        3666 AGCAACCAATATGTTTATGGAATTGGAGGAGGAACAGGCTGCCCTACACACAAGGACAGG 3725

Qy        3486 TCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTC 3545
               || || || || || ||||| ||  ||||||| ||    || ||| | || || || ||
Db        3726 TCATGCTATATATGTCACAGACAAATGCTCTTCTGTAGAGTGACCCTTGGGAAATCCTTT 3785

Qy        3546 CTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGT 3605
               |||||||| ||  | ||||||||||| ||  | |||||||| || |||||||||| ||||
Db        3786 CTGCAGTTTAGCACCATGAAAATGGCCCACGCGCCTCCAGGGCACCACTCAGTCATTGGT 3845

Qy        3606 AGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCT 3665
               || || || || ||||| || ||||  ||||||||||| || |||||||||||||||||
Db        3846 AGACCGAGCGTCAATGGGCTGGCATATGCTGAATATGTCATCTACAGAGGAGAACAGGCA 3905

Qy        3666 TATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAG 3708
               || || |||||| | || |||||||||||| |||| ||| ||||
Db        3906 TACCCAGAGTATCTTATCACTTACCAGATCATGAAGCCAGAAG 3948
```

RESULT 15
US-09-972-115A-7
; Sequence 7, Application US/09972115A
; Patent No. 6599728
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Geron Corporation
; APPLICANT: Gregg, Morin B.
; APPLICANT: Walter, Funk D.
; APPLICANT: Mieczyslaw, Piatyszek A.
; TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
; FILE REFERENCE: 080/003C
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
; CURRENT FILING DATE: 2001-10-05
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
; PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
; PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
; SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 7
; LENGTH: 4134
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Homo sapiens
US-09-972-115A-7

```
Query Match             49.4%;  Score 1885;  DB 3;  Length 4134;
Best Local Similarity   72.1%;  Pred. No. 0;
Matches 2496;  Conservative    0;  Mismatches  940;  Indels   27;  Gaps    2;

Qy        252 GGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAGAGCTGTTC 311
Db        507 GGGGCAGCAGGACCTGGGACAGGGGTCCCAGCAGTGAGCGGGGCCCTACGGGAACTGCTG 566

Qy        312 GAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTGAGAAGGTG 371
Db        567 GAGGCCTGTCGCAATGGGGACGTGTCCCGGGTAAAGAGGCTGGTGGACGCGGCAAACGTA 626

Qy        372 AACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAGGTTTTGGG 431
Db        627 AATGCAAAGGACATGGCCGGCCGGAAGTCTTCTCCCCTGCACTTCGCTGCAGGTTTTGGA 686

Qy        432 CGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCACGTGATGAT 491
Db        687 AGGAAGGATGTTGTAGAACACTTACTACAGATGGGTGCTAATGTCCACGCTCGTGATGAT 746

Qy        492 GGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTC 551
Db        747 GGAGGTCTCATCCCGCTTCATAATGCCTGTTCTTTTGGCCATGCTGAGGTTGTGAGTCTG 806

Qy        552 CTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCAT 611
Db        807 TTATTGTGCCAAGGAGCTGATCCAAATGCCAGGGATAACTGGAACTATACACCTCTGCAT 866

Qy        612 GAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAG 671
Db        867 GAAGCTGCTATTAAAGGGAAGATCGATGTGTGCATTGTGCTGCTGCAGCACGGAGCTGAC 926

Qy        672 CCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAA 731
Db        927 CCAAACATTCGGAACACTGATGGGAAATCAGCCCTGGACCTGGCAGATCCTTCAGCAAAA 986

Qy        732 GCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAAT 791
Db        987 GCTGTCCTTACAGGTGAATACAAGAAAGACGAACTCCTAGAAGCTGCTAGGAGTGGTAAT 1046

Qy        792 GAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGC 851
Db       1047 GAAGAAAAACTAATGGCTTTACTGACTCCTCTAAATGTGAATTGCCATGCAAGTGATGGG 1106

Qy        852 AGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTG 911
Db       1107 CGAAAGTCGACTCCTTTACATCTAGCAGCGGGCTACAACAGAGTTCGAATAGTTCAGCTT 1166

Qy        912 TTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACAC 971
Db       1167 CTTCTTCAGCATGGTGCTGATGTTCATGCAAAAGACAAAGGTGGACTTGTGCCTCTTCAT 1226

Qy        972 AATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGT 1031
Db       1227 AATGCATGTTCATATGGACATTATGAAGTCACAGAACTGCTACTAAAGCATGGAGCTTGT 1286

Qy       1032 GTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGG 1091
Db       1287 GTTAATGCCATGGATCTCTGGCAGTTTACTCCACTGCACGAGGCTGCTTCCAAGAACCGT 1346

Qy       1092 GTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCAC 1151
Db       1347 GTAGAAGTCTGCTCTTTGTTACTTAGCCATGGCGCTGATCCTACGTTAGTCAACTGCCAT 1406

Qy       1152 AATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAA 1211
Db       1407 GGCAAAAGTGCTGTGGATATGGCTCCAACTCCGGAGCTTAGGGAGAGATTGACTTATGAA 1466

Qy       1212 TTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAA 1271
Db       1467 TTTAAAGGTCATTCTTTACTACAAGCAGCCAGAGAAGCAGACTTAGCTAAAGTTAAAAAA 1526

Qy       1272 CATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCAT 1331
Db       1527 ACACTCGCTCTGGAAATCATTAATTTCAAACAACCGCAGTCTCATGAAACAGCACTGCAC 1586

Qy       1332 TGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAA 1391
Db       1587 TGTGCTGTGGCCTCTCTGCATCCCAAACGTAAACAAGTGACAGAATTGTTACTTAGAAAA 1646

Qy       1392 GGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAG 1451
Db       1647 GGAGCAAATGTTAATGAAAAAAATAAAGATTTCATGACTCCCCTGCATGTTGCAGCCGAA 1706

Qy       1452 AAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTG 1511
Db       1707 AGAGCCCATAATGATGTCATGGAAGTTCTGCATAAGCATGGCGCCAAGATGAATGCACTG 1766

Qy       1512 GATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGC 1571
Db       1767 GACACCCTTGGTCAGACTGCTTTGCATAGAGCCGCCCTAGCAGGCCACCTGCAGACCTGC 1826

Qy       1572 CGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCT 1631
Db       1827 CGCCTCCTGCTGAGTTACGGCTCTGACCCCTCCATCATCTCCTTACAAGGCTTCACAGCA 1886

Qy       1632 TTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAAT 1691
Db       1887 GCACAGATGGGCAATGAAGCAGTGCAGCAGATTCTGAGTGAGAGTACACCTATACGTACT 1946

Qy       1692 TCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAA 1751
Db       1947 TCTGATGTTGATTATCGACTCTTAGAGGCATCTAAAGCTGGAGACTTGGAAACTGTGAAG 2006

Qy       1752 AAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCA 1811
Db       2007 CAACTTTGCAGCTCTCAAAATGTGAATTGTAGAGACTTAGAGGGCCGGCATTCCACGCCC 2066

Qy       1812 CTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGA 1871
Db       2067 TTACACTTCGCAGCAGGCTACAACCGCGTGTCTGTTGTAGAGTACCTGCTACACCACGGT 2126

Qy       1872 GCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTAT 1931
Db       2127 GCCGATGTCCATGCCAAAGACAAGGGTGGCTTGGTGCCCCTTCATAATGCCTGTTCATAT 2186

Qy       1932 GGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGAT 1991
Db       2187 GGACACTATGAGGTGGCTGAGCTTTTAGTAAGGCATGGGGCTTCTGTCAATGTGGCGGAC 2246

Qy       1992 TTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAA 2051
Db       2247 TTATGGAAATTTACCCCTCTCCATGAAGCAGCAGCTAAAGGAAAGTATGAAATCTGCAAG 2306

Qy       2052 CTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTG 2111
Db       2307 CTCCTTTTAAAACATGGAGCAGATCCAACTAAAAAGAACAGAGATGGAAATACACCTTTG 2366

Qy       2112 GATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTG 2171
Db       2367 GATTTGGTAAAGGAAGGAGACACAGATATTCAGGACTTACTGAAAGGGGATGCTGCTTTG 2426

Qy       2172 CTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAAT 2231
Db       2427 TTGGATGCTGCCAAGAAGGGCTGCCTGGCAAGAGTGCAGAAGCTCTGTACCCCAGAGAAT 2486

Qy       2232 GTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTAT 2291
Db       2487 ATCAACTGCAGAGACACCCAGGGCAGAAATTCAACCCCTCTGCACCTGGCAGCAGGCTAT 2546

Qy       2292 AATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGAC 2351
Db       2547 AATAACCTGGAAGTAGCTGAATATCTTCTAGAGCATGGAGCTGATGTTAATGCCCAGGAC 2606

Qy       2352 AAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCT 2411
```

```
Db      2607 AAGGGTGGTTTAATTCCTCTTCATAATGCGGCATCTTATGGGCATGTTGACATAGCGGCT 2666

Qy      2412 CTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTG 2471
              || | ||||| || ||  | ||||| |||||| || || || | ||||| || || ||  |
Db      2667 TTATTGATAAAATACAACACGTGTGTAAATGCAACAGATAAGTGGGCGTTTACTCCCCTC 2726

Qy      2472 CACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCT 2531
             || ||||||||||| || ||| | || ||||| || ||  |  | ||||| ||||| ||
Db      2727 CATGAAGCAGCCCAGAAAGGAAGGACGCAGCTGTGCGCCCTCCTCCTAGCGCATGGTGCA 2786

Qy      2532 GACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGAT 2591
             ||||| ||  | || || |||||||| || || ||| | ||| | |   |||| || |||
Db      2787 GACCCCACCATGAAGAACCAGGAAGGCCAGACGCCTCTGGATCTGGCAACAGCTGACGAT 2846

Qy      2592 GTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCT 2651
              |||| ||| | |||| ||  |||||||||||||   ||  | ||  | ||||  || |||
Db      2847 ATCAGAGCTTTGCTGATAGATGCCATGCCCCCAGAGGCCTTACCTACCTGTTTTAAACCT 2906

Qy      2652 CAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCA 2711
             || |                     |    |        |   ||||    |||    ||
Db      2907 CAGG---------------------CTACTGTAGTGAGTGCCTCTCTGATCTCACCAGCA 2945

Qy      2712 TCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCA 2771
             || | ||| ||  |||| || || ||||||||  | |||||| |  ||||   |||  ||
Db      2946 TCCACCCCCTCCTGCCTCTCGGCTGCCAGCAGCATAGACAACCTCACTGGCCCTTTAGCA 3005

Qy      2772 GAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAG 2831
             ||  || |   || ||     || | || |   || || ||     |    || |  |||
Db      3006 GAGTTGGCCGTAGGAGGAGCCTCCAATGCAGGGGATGGCGCCGCGGGAACAGAAAGGAAG 3065

Qy      2832 ------GAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTT 2885
                   || ||| | ||  | ||  | |  ||    |||||  |||  |  ||||| |||
Db      3066 GAAGGAGAAGTTGCTGGTCTTGACATGAATATCAGCCAATTTCTAAAAAGCCTTGGCCTT 3125

Qy      2886 GAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATG 2945
             || |||||   |||||| ||||| | |||||||| ||  | ||||| || | ||| |||
Db      3126 GAACACCTTCGGGATATCTTTGAAACAGAACAGATTACACTAGATGTGTTGGCTGATATG 3185

Qy      2946 GGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATT 3005
             || ||  | ||| |||| || || || |||||||| |||| ||  | |||||| ||||
Db      3186 GGTCATGAAGAGTTGAAAGAAATAGGCATCAATGCATATGGGCACCGCCACAAATTAATC 3245

Qy      3006 AAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAAC 3065
             |||||||| || |||||  |    |||||||||||    || || ||||| |||||  ||
Db      3246 AAAGGAGTAGAAAGACTCTTAGGTGGACAACAAGGCACCAATCCTTATTTGACTTTTCAC 3305

Qy      3066 ACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCT 3125
                  |  |   ||||| ||| |  | |||| | ||| || |||||||| | ||||||
Db      3306 TGTGTTAATCAGGGAACGATTTTGCTGGATCTTGCTCCAGAAGATAAAGAATATCAGTCA 3365

Qy      3126 GTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGA 3185
             ||||| ||||||||||||||||||  ||||||| |||||||||||| ||| |||| || ||
Db      3366 GTGGAAGAAGAGATGCAAAGTACTATTCGAGAACACAGAGATGGTGGTAATGCTGGCGGC 3425

Qy      3186 ATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAA 3245
             |||||||||||||||||| |  |    ||||| || |||   ||||||||  |   |||
Db      3426 ATCTTCAACAGATACAATGTCATTCGAATTCAAAAAGTTGTCAACAAGAAGTTGAGGGAG 3485

Qy      3246 AGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGA 3305
              | | |   |||||    || ||||| |||||| || || |||||||||  |||||| ||
Db      3486 CGGTTCTGCCACCGACAGAAGGAAGTGTCTGAGGAGAATCACAACCATCACAATGAGCGC 3545

Qy      3306 ATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGG 3365
             ||| | |||||||| ||||||||  | ||||| ||||| || ||||| ||||||||  |
Db      3546 ATGTTGTTTCATGGTTCTCCTTTCATTAATGCCATTATTCATAAAGGGTTTGATGAGCGA 3605

Qy      3366 CATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAA 3425
             ||||| ||||||||| || ||||||||| || || |||||||||||||||||||| || |||
Db      3606 CATGCATACATAGGAGGAATGTTTGGGGCCGGGATTTATTTTGCTGAAAACTCCTCAAAA 3665

Qy      3426 AGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGA 3485
             ||||| |||||||| ||||||||||||||||||| || || || ||    |||||| |||||
Db      3666 AGCAACCAATATGTTTATGGAATTGGAGGAGGAACAGGCTGCCCTACACACAAGGACAGG 3725

Qy      3486 TCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTC 3545
             || || || || || ||||| ||  ||||||| ||  | || ||| | || || || ||
Db      3726 TCATGCTATATATGTCACAGACAAATGCTCTTCTGTAGAGTGACCCTTGGGAAATCCTTT 3785

Qy      3546 CTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGT 3605
             |||||||| ||  | ||||||||||| ||    ||||||||| || |||||||||| ||||
Db      3786 CTGCAGTTTAGCACCATGAAAATGGCCCACGCGCCTCCAGGGCACCACTCAGTCATTGGT 3845

Qy      3606 AGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCT 3665
             || || || || ||||| || ||||  |||||||||| || |||||||||||||||||||
Db      3846 AGACCGAGCGTCAATGGGCTGGCATATGCTGAATATGTCATCTACAGAGGAGAACAGGCA 3905

Qy      3666 TATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAG 3708
             || || |||||| | |  ||||||||||| |||| ||| ||||
Db      3906 TACCCAGAGTATCTTATCACTTACCAGATCATGAAGCCAGAAG 3948
```

Search completed: December 18, 2006, 16:38:05
Job time : 666.632 secs

```
                        GenCore version 5.1.9
             Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on:         December 18, 2006, 11:40:30 ; Search time 2063.14 Seconds
                                               (without alignments)
                                               12895.949 Million cell updates/sec

Title:          US-10-616-101-2
Perfect score:  3816
Sequence:       1 cgcgctgctccgcccgccgc..........cctttgctgaaaaaaaaaaa 3816

Scoring table:  IDENTITY_NUC
                Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched:       5244920 seqs, 3486124231 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      10489840

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :      N_Geneseq_8:*
                1:   geneseqn1980s:*
                2:   geneseqn1990s:*
                3:   geneseqn2000s:*
                4:   geneseqn2001as:*
                5:   geneseqn2001bs:*
                6:   geneseqn2002as:*
                7:   geneseqn2002bs:*
                8:   geneseqn2003as:*
                9:   geneseqn2003bs:*
                10:   geneseqn2003cs:*
                11:   geneseqn2003ds:*
                12:   geneseqn2004as:*
                13:   geneseqn2004bs:*
                14:   geneseqn2005s:*
                15:   geneseqn2006s:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                                  SUMMARIES
                %
Result          Query
  No.   Score   Match Length DB  ID                   Description
   -----------------------------------------------------------------------------
    1    3816   100.0   3816  4  AAA91488             Aaa91488 Tankyrase
    2    3816   100.0   3816  8  ABQ77067             Abq77067 Tankyrase
    3    3816   100.0   3816 10   ADH69415             Adh69415 Human tan
    4    3816   100.0   3816 14   ADY97760             Ady97760 Human tan
    5    3793    99.4   6019  4  AAC85294             Aac85294 Human SPA
    6  3791.4    99.4   4275  3  AAC66825             Aac66825 Human tan
    7  3791.4    99.4   4406  5  AAF63930             Aaf63930 Human tan
    8  3791.4    99.4   4992  5  AAF63953             Aaf63953 Human tan
    9  3791.4    99.4   5002  5  AAF63952             Aaf63952 Human tan
   10  3791.4    99.4   6189 13   ADR14766             Adr14766 Nucleotid
   11  3791.4    99.4   6189 13   ADR66604             Adr66604 Human pro
   12  3791.4    99.4   6189 13   ADR66262             Adr66262 Human pro
   13  3791.4    99.4   6189 14   ADW86202             Adw86202 Human Tan
   14  3791.4    99.4   6189 14   ADW92026             Adw92026 DNA seque
   15  3788.4    99.3   6018 10   AAD54031             Aad54031 Human col
   16  3770.8    98.8   5075  6  ABZ11674             Abz11674 Human pol
   17  3770.8    98.8   5075 12   ADM44192             Adm44192 Novel hum
   18  3595.8    94.2   4127  5  AAF63926             Aaf63926 Human tan
   19  3594.8    94.2   4512  4  AAD02578             Aad02578 Human tan
   20  3504.8    91.8   3508  5  AAF63837             Aaf63837 Human tan
   21  3393.4    88.9   3797  4  AAA91487             Aaa91487 Tankyrase
   22  3393.4    88.9   3797  8  ABQ77066             Abq77066 Tankyrase
   23  3393.4    88.9   3797 10   ADH69414             Adh69414 Human tan
   24  3393.4    88.9   3797 14   ADY97759             Ady97759 Human tan
   25    3341    87.6   4296  3  AAC66824             Aac66824 Human tan
   26    3297    86.4   3400  2  AAX25366             Aax25366 Human Grb
   27    3039    79.6   4493  3  AAC66823             Aac66823 Human tan
   28  2774.6    72.7   5005  4  AAC89706             Aac89706 Human adu
   29  2439.8    63.9   2971  5  AAF63919             Aaf63919 Human tan
   30  2439.8    63.9   3353  5  AAF63917             Aaf63917 Human tan
   31  2357.8    61.8   3799  5  AAF63918             Aaf63918 Human tan
   32    2122    55.6   3254  4  AAC85295             Aac85295 Mouse SPA
   33    1885    49.4   3984  5  AAF63838             Aaf63838 Human tan
   34    1885    49.4   4134  3  AAZ29627             Aaz29627 Human tan
   35    1885    49.4   4134  3  AAC66826             Aac66826 Human tan
   36    1885    49.4   4134  6  ABK48629             Abk48629 Human tan
   37    1885    49.4   4134 13   ADR14765             Adr14765 Nucleotid
   38  1796.4    47.1   8901 12   ADN03876             Adn03876 Antipsori
   39    1568    41.1   1568  5  AAF63925             Aaf63925 Human tan
   40  1533.8    40.2   4435 10   ADE53995             Ade53995 Human pro
   41  1521.2    39.9   4491  3  AAZ29632             Aaz29632 Human tru
   42  1521.2    39.9   4491  6  ABK48634             Abk48634 Truncated
   43  1521.2    39.9   4491 14   ADW86201             Adw86201 Human Tan
   44  1521.2    39.9   4491 14   ADW92025             Adw92025 Human gen
   45  1369.4    35.9   4657  3  AAZ29633             Aaz29633 Human tru

                                  ALIGNMENTS

RESULT 1
AAA91488
ID   AAA91488 standard; DNA; 3816 BP.
XX
AC   AAA91488;
XX
DT   06-AUG-2001  (first entry)
XX
DE   Tankyrase homologue isotype 2 coding sequence.
XX
KW   Tankyrase homologue isotype 2; TaHo-1; TaHo-2; cell proliferation;
KW   cell cycle protein; cell cycle associated disorder; cancer; gene mapping;
KW   chromosome mapping; gene therapy; vaccine; ds.
XX
OS   Unidentified.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             2. .3726
FT                   /*tag=  a
FT                   /partial
FT                   /product= "TaHo2"
FT                   /note= "Tankyrase homologue isotype 2; No start codon
FT                   given"
XX
PN   WO200130987-A2.
XX
PD   03-MAY-2001.
XX
PF   25-OCT-2000; 2000WO-US041528.
XX
PR   25-OCT-1999;    99US-00427154.
XX
PA   (RIGE-) RIGEL PHARM INC.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B;
XX
DR   WPI; 2001-300503/31.
DR   P-PSDB; AAY97749.
XX
PT   Novel recombinant cell cycle polypeptide, tankyrase H useful for inducing
PT   or preventing cell proliferation in cells, and for diagnosing, treating
PT   or preventing cell cycle associated disorders such as cancer.
XX
PS   Claim 13; Fig 2; 63pp; English.
XX
CC   This sequence encodes the Tankyrase homologue isotype 2 (TaHo-2) protein
CC   of the invention. The invention also relates to the TaHo-1 protein. The
CC   TaHo proteins are useful for inducing or preventing cell proliferation in
CC   cells, and in the study or treatment of conditions mediated by the cell
CC   cycle proteins, such as to diagnose, treat or prevent cell cycle
CC   associated disorders, preferably cancer. The TaHo coding sequences are
CC   useful as hybridisation probes, in chromosome and gene mapping and in the
CC   generation of anti-sense DNA and RNA. The coding sequences are also
CC   useful for the preparation of TaHo, for generating either transgenic
CC   animals or knock out animals which, in turn, are useful in a development
CC   and screening of therapeutically useful agents, in gene therapy, as
CC   vaccine, and for construction of hybridisation probes for mapping the
CC   gene which encodes TaHo and for the genetic analysis of individuals with
CC   genetic disorders. The TaHo proteins, and their coding sequences are
CC   useful in screening assays
XX
SQ   Sequence 3816 BP; 1097 A; 806 C; 949 G; 964 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             100.0%;  Score 3816;  DB 4;  Length 3816;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 3816;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240

Qy        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300

Qy        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360

Qy        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420

Qy        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480

Qy        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540

Qy        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600

Qy        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660

Qy        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720

Qy        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780

Qy        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840

Qy        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900

Qy        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960

Qy        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020

Qy       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080

Qy       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140

Qy       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200

Qy       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260

Qy       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320

Qy       1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380

Qy       1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440

Qy       1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500

Qy       1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560

Qy       1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620

Qy       1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680

Qy       1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740

Qy       1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
```

```
Qy        1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860

Qy        1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920

Qy        1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980

Qy        1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040

Qy        2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100

Qy        2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160

Qy        2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220

Qy        2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280

Qy        2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340

Qy        2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400

Qy        2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460

Qy        2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520

Qy        2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580

Qy        2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640

Qy        2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700

Qy        2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760

Qy        2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820

Qy        2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880

Qy        2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940

Qy        2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000

Qy        3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060

Qy        3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120

Qy        3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180

Qy        3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240

Qy        3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300

Qy        3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360

Qy        3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420

Qy        3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480

Qy        3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540

Qy        3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600

Qy        3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660

Qy        3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720

Qy        3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780

Qy        3781 GCCTCTACGTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAAA 3816
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3781 GCCTCTACGTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAAA 3816

RESULT 2
ABQ77067
ID   ABQ77067 standard; DNA; 3816 BP.
XX
AC   ABQ77067;
XX
DT   08-APR-2003  (first entry)
XX
DE   Tankyrase H.isotype 2 TaHo-2 DNA from clone K23.
```

```
XX
KW   Tankyrase; tankyrase H; cell cycle protein; growth inhibitor; TaHo-2;
KW   TaHo; cytostatic; immunostimulant; gene therapy; vaccine; cancer; tumour;
KW   cell cycle related disorder; poly ADP-ribose polymerase; PARP; ds.
XX
OS   Unidentified.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             3. .3725
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "TaHo-2"
FT                   /partial
FT                   /note= "no start codon"
XX
PN   WO200286170-A1.
XX
PD   31-OCT-2002.
XX
PF   25-APR-2002; 2002WO-US013185.
XX
PR   25-APR-2001; 2001US-00843159.
XX
PA   (RIGE-) RIGEL PHARM INC.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B,  Ossovskaya V;
XX
DR   WPI; 2003-093158/08.
DR   P-PSDB; ABG73731.
XX
PT   New recombinant nucleic acid encoding a cell cycle protein, useful for
PT   diagnosing and treating a cell cycle related disorder, e.g. cancer.
XX
PS   Claim 13; Fig 2A-B; 90pp; English.
XX
CC   This invention describes a novel recombinant nucleic acid encoding the
CC   cell cycle protein TaHo, a tankyrase H isoform. The products of the
CC   invention have cytostatic and immunostimulant activity and can be used
CC   for gene therapy and in vaccines. The cell cycle protein TaHo and the
CC   nucleic acid encoding the protein are useful for diagnosing and treating
CC   a cell cycle related disorder, e.g. cancer, or for inhibiting growth of a
CC   tumour cell. The methods are useful for screening for a bioactive agent
CC   capable of binding to a cell cycle protein tankyrase H, or a bioactive
CC   agent capable of modulating a cell cycle protein tankyrase H or PARP
CC   (poly ADP-ribose polymerase) activity. The antibodies are useful for
CC   inducing an immune response against the cell cycle proteins. This
CC   sequence encodes the tankyrase H isoform 2, TaHo-2, isolated from clone
CC   K23 which is described in the disclosure of the invention
XX
SQ   Sequence 3816 BP; 1097 A; 806 C; 949 G; 964 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             100.0%;  Score 3816;  DB 8;  Length 3816;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 3816;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240

Qy        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300

Qy        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360

Qy        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420

Qy        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480

Qy        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540

Qy        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600

Qy        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660

Qy        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720

Qy        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780

Qy        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840

Qy        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900

Qy        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960

Qy        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020

Qy       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080

Qy       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140

Qy       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200

Qy       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260

Qy       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320

Qy       1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
```

```
Qy       1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440

Qy       1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500

Qy       1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560

Qy       1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620

Qy       1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680

Qy       1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740

Qy       1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800

Qy       1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860

Qy       1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920

Qy       1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980

Qy       1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040

Qy       2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100

Qy       2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160

Qy       2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220

Qy       2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280

Qy       2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340

Qy       2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400

Qy       2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460

Qy       2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520

Qy       2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580

Qy       2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640

Qy       2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700

Qy       2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760

Qy       2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820

Qy       2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880

Qy       2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940

Qy       2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000

Qy       3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060

Qy       3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120

Qy       3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180

Qy       3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240

Qy       3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300

Qy       3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360

Qy       3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420

Qy       3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480

Qy       3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540

Qy       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600

Qy       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660

Qy       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720

Qy       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780

Qy       3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3816
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3816


RESULT 3
ADH69415
ID   ADH69415 standard; DNA; 3816 BP.
XX
AC   ADH69415;
XX
DT   25-MAR-2004  (first entry)
XX
DE   Human  tankyrase homologue isotype 2 (TaHo-2) DNA.
XX
KW   Tankyrase H cell cycle protein; p21; gene therapy;
KW   bioactive agent screening; cancer; cytostatic; gene; human; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             3. .3725
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "Human  tankyrase homologue isotype 2"
FT                   /partial
FT                   /note= "no start codon given"
XX
PN   US6617102-B1.
XX
PD   09-SEP-2003.
XX
PF   25-OCT-2000; 2000US-00696668.
XX
PR   25-OCT-1999;   99US-00427154.
XX
PA   (RIGE-) RIGEL PHARM INC.
XX
PI   Luo Y,   Chan E,   Xu X,   Huang B,   Ossovskaya V;
XX
DR   WPI; 2003-895391/82.
DR   P-PSDB; ADH69406.
XX
PT   Screening for a bioactive agent capable of interfering with the binding
PT   of a tankyrase H cell cycle protein and p21 for diagnosing or treating
PT   cancer by combining a tankyrase H cell cycle protein, a candidate
PT   bioactive agent and p21.
XX
PS   Disclosure; SEQ ID NO 2; 39pp; English.
XX
CC   The invention relates to a method for screening a bioactive agent capable
CC   of interfering with the binding of a tankyrase H cell cycle protein and
CC   p21. The invention is useful in gene therapy. The method is useful for
CC   screening for a bioactive agent capable of interfering with the binding
CC   of a tankyrase H cell cycle protein and p21 for preparing a composition
CC   for diagnosing or treating cancer. The present sequence is human
CC   tankyrase homologue isotype 2 (TaHo-2) DNA.
XX
SQ   Sequence 3816 BP; 1097 A; 806 C; 949 G; 964 T; 0 U; 0 Other;
```

```
  Query Match             100.0%;  Score 3816;  DB 10;  Length 3816;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 3816;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240

Qy        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300

Qy        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360

Qy        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420

Qy        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480

Qy        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540

Qy        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600

Qy        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660

Qy        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720

Qy        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780

Qy        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840

Qy        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900

Qy        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960

Qy        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020

Qy       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080

Qy        1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140

Qy        1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200

Qy        1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260

Qy        1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320

Qy        1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380

Qy        1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440

Qy        1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500

Qy        1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560

Qy        1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620

Qy        1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680

Qy        1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740

Qy        1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800

Qy        1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860

Qy        1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920

Qy        1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980

Qy        1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040

Qy        2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100

Qy        2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160

Qy        2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220

Qy        2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280

Qy        2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340

Qy        2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400

Qy        2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460

Qy        2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520

Qy        2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580

Qy        2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640

Qy        2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700

Qy        2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760

Qy        2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820

Qy        2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880

Qy        2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940

Qy        2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000

Qy        3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060

Qy        3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120

Qy        3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180

Qy        3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
```

```
Qy       3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300

Qy       3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360

Qy       3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420

Qy       3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480

Qy       3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540

Qy       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600

Qy       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660

Qy       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720

Qy       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780

Qy       3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAAA 3816
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAAA 3816


RESULT 4
ADY97760
ID   ADY97760 standard; cDNA; 3816 BP.
XX
AC   ADY97760;
XX
DT   16-JUN-2005  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase homologue isotype 2 encoding cDNA SEQ ID NO:2.
XX
KW   cell cycle; cancer; cytostatic; tankyrase homologue isotype 2; gene; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             3. .3725
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "tankyrase homologue isotype 2"
XX
PN   US2005074825-A1.
XX
PD   07-APR-2005.
XX
PF   08-JUL-2003; 2003US-00616101.
XX
PR   25-OCT-1999;   99US-00427154.
PR   25-OCT-2000; 2000US-00696668.
PR   25-APR-2001; 2001US-00843159.
XX
PA   (LUOY/) LUO Y.
PA   (CHAN/) CHAN E.
PA   (XUXX/) XU X.
PA   (HUAN/) HUANG B.
PA   (OSSO/) OSSOVSKAYA V.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B,  Ossovskaya V;
XX
DR   WPI; 2005-294737/30.
DR   P-PSDB; ADY97762.
XX
PT   Novel recombinant polypeptide such as cell cycle protein e.g. tankyrase
PT   homolog, useful for screening its modulator.
XX
PS   Claim 10; SEQ ID NO 2; 75pp; English.
XX
CC   The invention relates to a recombinant polypeptide (I) such as cell cycle
CC   protein e.g. tankyrase homologue (TaHo), comprising an amino acid
CC   sequence having 85% or more sequence identity to the 1065 amino acid
CC   sequence of ADY97761 or the 1240 amino acid sequence of ADY97762. Also
CC   described: (1) diagnosing cancer, which involves determining the activity
CC   of (I) from a test sample of an individual and comparing the level with a
CC   control with a control; (2) treating (M1) an individual with a cell cycle
CC   related disorder, which involves administering to the individual an
CC   inhibitor of TaHo; (3) a recombinant nucleic acid (II) encoding (I),
CC   comprising a nucleic acid that hybridizes under high stringent conditions
CC   to a sequence complementary to the 3797 base pair sequence of ADY97759 or
CC   the 3816 base pair sequence of ADY97760, or a nucleic acid having 85% or
CC   more sequence identity to ADY97759 or ADY97760; (4) an expression vector
CC   (III) comprising (II) operably linked to regulatory sequences recognized
CC   by a host cell (IV) transformed with the nucleic acid; (5) a host cell
CC   comprising (II) or (III); (6) producing (I); (7) a polypeptide that
CC   specifically binds to (I); and (8) inhibiting (M2) growth of a tumor
CC   cell, involves contacting the tumor with a bioactive agent capable of
CC   inhibiting TaHo activity. (I) is useful for screening a bioactive agent
CC   capable of modulating (I), or screening for agents capable of interfering
CC   with the binding of (I) and P21. (M1) is useful for treating an
CC   individual with a cell cycle related disorder. (M2) is useful for
CC   inhibiting growth of a tumor cell by a bioactive agent e.g. antisense
CC   oligonucleotide. The present sequence encodes the human tankyrase
CC   homologue isotype 2.
XX
SQ   Sequence 3816 BP; 1097 A; 806 C; 949 G; 964 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             100.0%;  Score 3816;  DB 14;  Length 3816;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 3816;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240

Qy        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300

Qy        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360

Qy        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
```

```
Qy        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480

Qy        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540

Qy        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600

Qy        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660

Qy        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720

Qy        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780

Qy        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840

Qy        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900

Qy        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960

Qy        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020

Qy       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080

Qy       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140

Qy       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200

Qy       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260

Qy       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320

Qy       1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380

Qy       1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440

Qy       1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500

Qy       1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560

Qy       1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620

Qy       1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680

Qy       1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740

Qy       1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800

Qy       1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860

Qy       1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920

Qy       1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980

Qy       1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040

Qy       2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100

Qy       2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160

Qy       2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220

Qy       2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280

Qy       2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340

Qy       2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400

Qy       2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460

Qy       2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520

Qy       2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580

Qy       2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640

Qy       2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700

Qy       2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760

Qy       2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820

Qy       2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880

Qy       2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940

Qy       2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000

Qy       3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060

Qy       3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120

Qy       3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180

Qy       3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240

Qy       3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300

Qy       3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360

Qy       3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420

Qy       3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480

Qy       3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540

Qy       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600

Qy       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660

Qy       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720

Qy       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780

Qy       3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAAA 3816
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAAA 3816


RESULT 5
AAC85294
ID   AAC85294 standard; cDNA; 6019 BP.
XX
AC   AAC85294;
XX
DT   29-MAR-2001  (first entry)
XX
DE   Human SPANK cDNA.
XX
KW   SPANK; SAM; sterile alpha motif; PARP; insulin resistance;
KW   poly adenosine diphosphate-ribose polymerase; catalytic domain; ANK;
KW   ankyrin repeat; cytosol; insulin-responsive aminopeptidase; IRAP; GLUT4;
KW   adipocyte; insulin signalling pathway; hyperlipidaemia;
KW   glucose intolerance; atheromatous disease; atherosclerosis; obesity;
KW   cardiac insufficiency; coronary insufficiency; stroke;
KW   high blood pressure; non-insulin dependent diabetes; hypertension;
KW   hyperuricemia; Syndrome X; muscular dystrophy; muscle atrophy; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             252. .3735
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "Human SPANK"
FT                   /transl_except= (pos:768. .878,aa:173. .209)
FT                   /transl_except= (pos:1230. .1337,aa:327. .362)
FT                   /transl_except= (pos:1374. .1445,aa:375. .398)
FT                   /transl_except= (pos:1695. .1823,aa:482. .524)
FT                   /transl_except= (pos:2172. .2282,aa:641. .677)
XX
PN   WO200077225-A1.
XX
PD   21-DEC-2000.
XX
PF   09-JUN-2000; 2000WO-US015926.
XX
PR   11-JUN-1999;   99US-0138957P.
XX
PA   (WHED ) WHITEHEAD INST BIOMEDICAL RES.
PA   (GEHO ) GEN HOSPITAL CORP.
XX
PI   Chi N,  Lodish HF;
XX
DR   WPI; 2001-091404/10.
DR   P-PSDB; AAB47022.
XX
PT   New insulin signaling protein SPANK, useful for reducing body mass,
PT   glucose intolerance or insulin resistance and for preventing or treating
PT   obesity-related and muscle-related diseases.
XX
PS   Claim 3; Fig 4; 65pp; English.
XX
CC   This sequence represents the human SPANK cDNA. The SPANK protein
CC   comprises 3 domains: (a) a SAM (sterile alpha motif) domain; (b) a PARP
CC   (poly adenosine diphosphate-ribose polymerase) catalytic domain; and (c)
CC   an ANK domain composed of ankyrin repeats. SPANK is a cytosolic protein
CC   which can poly(ADP-ribosyl)ate itself. SPANK binds insulin-responsive
CC   aminopeptidase (IRAP) and modulates translocation of GLUT4 in the
CC   perinuclear region of adipocytes. It is an effector in the insulin
CC   signalling pathway in eukaryotic cells. SPANK is useful for reducing body
CC   mass, reducing glucose intolerance or insulin resistance, for preventing
CC   or treating obesity-related diseases or disorders, such as obesity,
CC   cardiac insufficiency, coronary insufficiency, stroke, hypertension,
CC   atheromatous disease, atherosclerosis, high blood pressure, non-insulin
CC   dependent diabetes, hyperlipidaemia, hyperuricemia and Syndrome X and is
CC   also useful for preventing or treating muscle-related diseases or
CC   disorders, such as muscular dystrophy, muscle atrophy and muscle fatigue.
CC   Antibodies immunospecific for SPANK are useful for detecting the presence
CC   of SPANK polypeptide in a biological sample
XX
SQ   Sequence 6019 BP; 1732 A; 1173 C; 1341 G; 1773 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             99.4%;  Score 3793;  DB 4;  Length 6019;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3807;  Conservative    0;  Mismatches    5;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         29 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 88

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         89 TGGGCGCGG-CCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 147

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        148 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 207

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        208 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 267

Qy        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        268 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 327

Qy        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        328 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 387

Qy        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        388 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 447

Qy        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        448 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 507

Qy        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        508 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 567

Qy        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        568 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 627

Qy        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        628 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 687

Qy        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        688 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 747

Qy        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        748 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 807

Qy        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        808 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 867

Qy        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        868 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 927

Qy        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        928 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 987

Qy        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        988 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1047

Qy       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1048 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1107

Qy       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1108 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1167

Qy       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1168 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1227

Qy       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1228 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1287

Qy       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1288 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1347

Qy       1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1348 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1407

Qy       1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1408 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1467

Qy       1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1468 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1527

Qy       1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1528 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1587

Qy       1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1588 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1647

Qy       1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1648 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1707

Qy       1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1708 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1767

Qy       1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1768 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1827

Qy       1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1828 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1887

Qy       1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1888 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1947

Qy       1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1948 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2007
```

```
Qy       1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2008 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2067

Qy       2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db       2068 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2127

Qy       2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2128 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2187

Qy       2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2188 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2247

Qy       2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2248 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2307

Qy       2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2308 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2367

Qy       2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2368 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2427

Qy       2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2428 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2487

Qy       2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2488 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2547

Qy       2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2548 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2607

Qy       2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2608 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2667

Qy       2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2668 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2727

Qy       2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2728 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2787

Qy       2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2788 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2847

Qy       2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2848 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2907

Qy       2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2908 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2967

Qy       2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2968 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3027

Qy       3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3028 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3087

Qy       3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3088 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3147

Qy       3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3148 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3207

Qy       3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3208 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3267

Qy       3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3268 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3327

Qy       3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3328 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3387

Qy       3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3388 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3447

Qy       3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3448 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3507

Qy       3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3508 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3567

Qy       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3568 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3627

Qy       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3628 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3687

Qy       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3688 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3747

Qy       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3748 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3807

Qy       3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
              |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3808 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3840


RESULT 6
AAC66825
ID   AAC66825 standard; cDNA; 4275 BP.
XX
AC   AAC66825;
XX
DT   27-FEB-2001  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase II coding sequence SEQ ID NO: 5.
XX
KW   Human; tankyrase II; telomere length; signal transduction; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             284. .3784
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "tankyrase II"
FT                   /transl_except= (pos:655. .660,aa:TyrThr)
XX
```

```
PN   WO200061813-A1.
XX
PD   19-OCT-2000.
XX
PF   10-APR-2000; 2000WO-US009558.
XX
PR   09-APR-1999;   99US-0128577P.
PR   13-APR-1999;   99US-0129123P.
XX
PA   (GERO-) GERON CORP.
XX
PI   Morin GB,  Funk WD,  Piatyszek MA;
XX
DR   WPI; 2000-679503/66.
DR   P-PSDB; AAB27211.
XX
PT   Novel mammalian Tankyrase II polypeptide and the polynucleotide encoding
PT   the polypeptide useful for modulating or maintaining telomere length,
PT   replicative capacity, apoptosis, chromosome packing or gene expression.
XX
PS   Claim 1; Fig 4; 52pp; English.
XX
CC   The present sequence is a version of the human tankyrase II coding
CC   sequence. Its protein is thought to be involved in signal transduction in
CC   the cell, and to have binding activity for other telomere-associated
CC   proteins. It is possible that it plays a role in the regulation of
CC   telomere length, thus affecting the replicative ability of the cell. The
CC   protein is useful for ribosylating target proteins, for determining
CC   tankyrase II binding activity in a sample, and for modulating telomere
CC   length in a cell
XX
SQ   Sequence 4275 BP; 1247 A; 889 C; 1025 G; 1114 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             99.4%;  Score 3791.4;  DB 3;  Length 4275;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||  |  ||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db         61 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCATCGAGGGGCGCGCG 120

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 TGGGCGCGG-CCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 179

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        180 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 239

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        240 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 299

Qy        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        300 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 359

Qy        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        360 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 419

Qy        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        420 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 479

Qy        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        480 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 539

Qy        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        540 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 599

Qy        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        600 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 659

Qy        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        660 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 719

Qy        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        720 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 779

Qy        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        780 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 839

Qy        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        840 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 899

Qy        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        900 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 959

Qy        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        960 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1019

Qy        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1020 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1079

Qy       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1080 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1139

Qy       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1140 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1199

Qy       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1200 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1259

Qy       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1260 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1319

Qy       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1320 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1379

Qy       1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1380 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1439

Qy       1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1440 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1499

Qy       1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1500 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1559

Qy       1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1560 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1619

Qy       1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1620 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1679

Qy       1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1680 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1739

Qy         1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1740 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1799

Qy         1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1800 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1859

Qy         1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1860 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1919

Qy         1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1920 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1979

Qy         1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1980 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2039

Qy         1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2040 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2099

Qy         2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db         2100 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2159

Qy         2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2160 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2219

Qy         2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2220 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2279

Qy         2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2280 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2339

Qy         2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2340 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2399

Qy         2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2400 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2459

Qy         2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2460 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2519

Qy         2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2520 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2579

Qy         2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2580 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2639

Qy         2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2640 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2699

Qy         2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2700 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2759

Qy         2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2760 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2819

Qy         2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2820 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2879

Qy         2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2880 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2939

Qy         2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2940 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2999

Qy         2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3000 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3059

Qy         3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3060 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3119

Qy         3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3120 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3179

Qy         3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3180 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3239

Qy         3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3240 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3299

Qy         3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3300 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3359

Qy         3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3360 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3419

Qy         3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3420 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3479

Qy         3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3480 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3539

Qy         3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3540 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3599

Qy         3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3600 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3659

Qy         3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3660 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3719

Qy         3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3720 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3779

Qy         3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3780 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3839

Qy         3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
                |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3840 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3872
```

```
RESULT 7
AAF63930
ID   AAF63930 standard; DNA; 4406 BP.
XX
AC   AAF63930;
XX
DT   05-APR-2001  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase2 clone consensus oligonucleotide SEQ ID NO: 106.
XX
KW   Human; tankyrase2; TANK2; TRF1; telomere; cancer; neoplasm; aging;
KW   inflammatory disorder; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200100849-A1.
XX
PD   04-JAN-2001.
XX
PF   28-JUN-2000; 2000WO-US017827.
XX
PR   29-JUN-1999;   99US-0141582P.
XX
PA   (ICOS-) ICOS CORP.
XX
PI   Christenson E,  Demaggio AJ,  Goldman PS,  Mcelligott DL;
XX
DR   WPI; 2001-102896/11.
DR   P-PSDB; AAB66290.
XX
PT   New tankyrase2 polypeptides, useful for treating conditions mediated by
PT   poly(adenosine diphosphate-ribose) polymerase activity e.g. cancers,
PT   inflammatory and autoimmune disorders.
XX
PS   Example 2; Page 168-173; 242pp; English.
XX
CC   The present invention provides the protein and coding sequence for the
CC   human tankyrase2 protein. This is found in two different versions,
CC   designated TANK2-LONG and TANK2-SHORT. Tankyrase2 has polyADP-
CC   ribosylation activity and is involved in the modification of TRF1, which
CC   is a telomere-specific binding protein. The regulation of telomere
CC   length, in which TRF1 has a role, is linked to ageing and cancer. The
CC   sequences are useful in the treatment of cancers and inflammatory
CC   disorders
XX
SQ   Sequence 4406 BP; 1268 A; 910 C; 1054 G; 1174 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             99.4%;  Score 3791.4;  DB 5;  Length 4406;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         67 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 126

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        127 TGGGCGCGG-CCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 185

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        186 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 245

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        246 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 305

Qy        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        306 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 365

Qy        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        366 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 425

Qy        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        426 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 485

Qy        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        486 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 545

Qy        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        546 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 605

Qy        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        606 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 665

Qy        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        666 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 725

Qy        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        726 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 785

Qy        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        786 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 845

Qy        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        846 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 905

Qy        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        906 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 965

Qy        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        966 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1025

Qy        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1026 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1085

Qy       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1086 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1145

Qy       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1146 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1205

Qy       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1206 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1265

Qy       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1266 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1325

Qy       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1326 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1385

Qy       1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1386 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1445

Qy       1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1446 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1505

Qy     1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1506 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1565

Qy     1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1566 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1625

Qy     1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1626 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1685

Qy     1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1686 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1745

Qy     1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1746 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1805

Qy     1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1806 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1865

Qy     1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1866 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1925

Qy     1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1926 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1985

Qy     1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1986 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2045

Qy     1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2046 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2105

Qy     2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db     2106 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2165

Qy     2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2166 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2225

Qy     2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2226 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2285

Qy     2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2286 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2345

Qy     2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2346 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2405

Qy     2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2406 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2465

Qy     2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2466 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2525

Qy     2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2526 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2585

Qy     2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2586 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2645

Qy     2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
            |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2646 CAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2705

Qy     2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2706 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2765

Qy     2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2766 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2825

Qy     2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2826 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2885

Qy     2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2886 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2945

Qy     2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2946 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 3005

Qy     2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3006 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3065

Qy     3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3066 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3125

Qy     3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3126 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3185

Qy     3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3186 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3245

Qy     3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3246 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3305

Qy     3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3306 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3365

Qy     3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3366 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3425

Qy     3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3426 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3485

Qy     3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3486 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3545

Qy     3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3546 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3605

Qy     3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3606 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3665
```

```
Qy       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3666 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3725

Qy       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3726 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3785

Qy       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3786 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3845

Qy       3781 GCCTCTACGTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAA 3813
              |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3846 GCCTCTACGTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAA 3878


RESULT 8
AAF63953
ID   AAF63953 standard; DNA; 4992 BP.
XX
AC   AAF63953;
XX
DT   05-APR-2001  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase2 TANK2-SHORT coding sequence SEQ ID NO: 134.
XX
KW   Human; tankyrase2; TANK2; TRF1; telomere; cancer; neoplasm; aging;
KW   inflammatory disorder; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200100849-A1.
XX
PD   04-JAN-2001.
XX
PF   28-JUN-2000; 2000WO-US017827.
XX
PR   29-JUN-1999;   99US-0141582P.
XX
PA   (ICOS-) ICOS CORP.
XX
PI   Christenson E,  Demaggio AJ,  Goldman PS,  Mcelligott DL;
XX
DR   WPI; 2001-102896/11.
DR   P-PSDB; AAB66295.
XX
PT   New tankyrase2 polypeptides, useful for treating conditions mediated by
PT   poly(adenosine diphosphate-ribose) polymerase activity e.g. cancers,
PT   inflammatory and autoimmune disorders.
XX
PS   Claim 6; Page 195-200; 242pp; English.
XX
CC   The present invention provides the protein and coding sequence for the
CC   human tankyrase2 protein. This is found in two different versions,
CC   designated TANK2-LONG and TANK2-SHORT. Tankyrase2 has polyADP-
CC   ribosylation activity and is involved in the modification of TRF1, which
CC   is a telomere-specific binding protein. The regulation of telomere
CC   length, in which TRF1 has a role, is linked to ageing and cancer. The
CC   sequences are useful in the treatment of cancers and inflammatory
CC   disorders
XX
SQ   Sequence 4992 BP; 1454 A; 1064 C; 1191 G; 1283 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             99.4%;  Score 3791.4;  DB 5;  Length 4992;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        653 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 712

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        713 TGGGCGCGG-CCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 771

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        772 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 831

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        832 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 891

Qy        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        892 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 951

Qy        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        952 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 1011

Qy        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1012 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 1071

Qy        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1072 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 1131

Qy        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1132 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 1191

Qy        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1192 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 1251

Qy        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1252 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 1311

Qy        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1312 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 1371

Qy        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1372 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 1431

Qy        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1432 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 1491

Qy        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1492 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 1551

Qy        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1552 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1611

Qy        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1612 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1671

Qy       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1672 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1731

Qy       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1732 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1791

Qy       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1792 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1851

Qy     1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1852 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1911

Qy     1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1912 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1971

Qy     1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1972 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 2031

Qy     1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2032 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 2091

Qy     1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2092 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 2151

Qy     1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2152 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 2211

Qy     1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2212 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 2271

Qy     1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2272 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 2331

Qy     1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2332 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 2391

Qy     1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2392 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 2451

Qy     1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2452 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 2511

Qy     1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2512 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 2571

Qy     1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2572 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2631

Qy     1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2632 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2691

Qy     2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db     2692 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2751

Qy     2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2752 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2811

Qy     2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2812 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2871

Qy     2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2872 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2931

Qy     2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2932 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2991

Qy     2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2992 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 3051

Qy     2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3052 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 3111

Qy     2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3112 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 3171

Qy     2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3172 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 3231

Qy     2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
            |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3232 CAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 3291

Qy     2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3292 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 3351

Qy     2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3352 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 3411

Qy     2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3412 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 3471

Qy     2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3472 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 3531

Qy     2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3532 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 3591

Qy     2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3592 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3651

Qy     3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3652 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3711

Qy     3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3712 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3771

Qy     3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3772 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3831

Qy     3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3832 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3891

Qy     3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3892 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3951

Qy     3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3952 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 4011
```

```
Qy    3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4012 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 4071

Qy    3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4072 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 4131

Qy    3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4132 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 4191

Qy    3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4192 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 4251

Qy    3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4252 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 4311

Qy    3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4312 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 4371

Qy    3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4372 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 4431

Qy    3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
           |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4432 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 4464


RESULT 9
AAF63952
ID   AAF63952 standard; DNA; 5002 BP.
XX
AC   AAF63952;
XX
DT   05-APR-2001  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase2 TANK2-LONG coding sequence SEQ ID NO: 132.
XX
KW   Human; tankyrase2; TANK2; TRF1; telomere; cancer; neoplasm; aging;
KW   inflammatory disorder; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200100849-A1.
XX
PD   04-JAN-2001.
XX
PF   28-JUN-2000; 2000WO-US017827.
XX
PR   29-JUN-1999;   99US-0141582P.
XX
PA   (ICOS-) ICOS CORP.
XX
PI   Christenson E,  Demaggio AJ,  Goldman PS,  Mcelligott DL;
XX
DR   WPI; 2001-102896/11.
DR   P-PSDB; AAB66294.
XX
PT   New tankyrase2 polypeptides, useful for treating conditions mediated by
PT   poly(adenosine diphosphate-ribose) polymerase activity e.g. cancers,
PT   inflammatory and autoimmune disorders.
XX
PS   Claim 5; Page 185-190; 242pp; English.
XX
CC   The present invention provides the protein and coding sequence for the
CC   human tankyrase2 protein. This is found in two different versions,
CC   designated TANK2-LONG and TANK2-SHORT. Tankyrase2 has polyADP-
CC   ribosylation activity and is involved in the modification of TRF1, which
CC   is a telomere-specific binding protein. The regulation of telomere
CC   length, in which TRF1 has a role, is linked to ageing and cancer. The
CC   sequences are useful in the treatment of cancers and inflammatory
CC   disorders
XX
SQ   Sequence 5002 BP; 1456 A; 1065 C; 1196 G; 1285 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match            99.4%;  Score 3791.4;  DB 5;  Length 5002;
  Best Local Similarity  99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy       1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
           ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     663 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 722

Qy      61 TGGGCGCGGCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
           ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     723 TGGGCGCGG-CCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 781

Qy     121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     782 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 841

Qy     181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     842 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 901

Qy     241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     902 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 961

Qy     301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     962 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 1021

Qy     361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1022 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 1081

Qy     421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1082 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 1141

Qy     481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1142 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 1201

Qy     541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1202 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 1261

Qy     601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1262 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 1321

Qy     661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1322 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 1381

Qy     721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1382 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 1441

Qy     781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1442 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 1501

Qy     841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1502 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 1561

Qy     901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1562 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1621

Qy      961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1622 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1681

Qy     1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1682 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1741

Qy     1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1742 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1801

Qy     1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1802 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1861

Qy     1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1862 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1921

Qy     1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1922 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1981

Qy     1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1982 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 2041

Qy     1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2042 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 2101

Qy     1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2102 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 2161

Qy     1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2162 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 2221

Qy     1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2222 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 2281

Qy     1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2282 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 2341

Qy     1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2342 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 2401

Qy     1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2402 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 2461

Qy     1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2462 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 2521

Qy     1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2522 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 2581

Qy     1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2582 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2641

Qy     1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2642 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2701

Qy     2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db     2702 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2761

Qy     2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2762 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2821

Qy     2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2822 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2881

Qy     2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2882 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2941

Qy     2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2942 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 3001

Qy     2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3002 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 3061

Qy     2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3062 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 3121

Qy     2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3122 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 3181

Qy     2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3182 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 3241

Qy     2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
            |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3242 CAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 3301

Qy     2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3302 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 3361

Qy     2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3362 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 3421

Qy     2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3422 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 3481

Qy     2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3482 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 3541

Qy     2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3542 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 3601

Qy     2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3602 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3661

Qy     3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3662 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3721

Qy     3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3722 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3781
```

```
Qy       3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3782 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3841

Qy       3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3842 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3901

Qy       3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3902 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3961

Qy       3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3962 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 4021

Qy       3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4022 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 4081

Qy       3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4082 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 4141

Qy       3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4142 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 4201

Qy       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4202 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 4261

Qy       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4262 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 4321

Qy       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4322 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 4381

Qy       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4382 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 4441

Qy       3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
              |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4442 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 4474

RESULT 10
ADR14766
ID   ADR14766 standard; DNA; 6189 BP.
XX
AC   ADR14766;
XX
DT   04-NOV-2004  (first entry)
XX
DE   Nucleotide sequence of human MAPCAX orthologue #24.
XX
KW   adenomatous polyposis coli protein; APC; axin pathway;
KW   modifier of APC and axin; MAPCAX; cancer; human; gene; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             380. .3880
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "MAPCAX orthologue"
XX
PN   WO2004066948-A2.
XX
PD   12-AUG-2004.
```

```
XX
PF   28-JAN-2004; 2004WO-US002338.
XX
PR   29-JAN-2003; 2003US-0443484P.
PR   11-FEB-2003; 2003US-0447358P.
PR   10-APR-2003; 2003US-0461789P.
PR   14-MAY-2003; 2003US-0470684P.
PR   19-JUN-2003; 2003US-0479650P.
XX
PA   (EXEL-) EXELIXIS INC.
XX
PI   Gendreau SB,  Morablanco EL,  Lickteig K,  Zhang H;
XX
DR   WPI; 2004-580849/56.
DR   P-PSDB; ADR14792.
XX.
PT   Identifying a candidate adenomatous polyposis coli protein (APC) and axin
PT   pathways modulating agent for treating cancer by contacting an assay
PT   system comprising a modifier of APC and axin polypeptide or nucleic acid
PT   with a test agent.
XX
PS   Example 1; SEQ ID NO 24; 199pp; English.
XX
CC   The specification describes a method for identifying a candidate
CC   adenomatous polyposis coli protein (APC) and axin pathways modulating
CC   agents. The method comprises providing an assay system comprising a
CC   modifier of APC and axin (MAPCAX) polypeptide or nucleic acid, contacting
CC   the assay system with a test agent under conditions where, except for the
CC   presence of the test agent, the system provides a reference activity, and
CC   detecting a test agent-biased activity of the assay system, where a
CC   difference between the test agent-biased activity and the reference
CC   activity identifies the test agent as a candidate APC and axin pathways
CC   modulating agent. The method is useful in identifying a candidate
CC   adenomatous polyposis coli protein (APC) and a pathways modulating agent,
CC   which are useful for preparing a composition for diagnosing or treating
CC   cancer. The present sequence encodes a human orthologue of a
CC   Caenorhabditis elegans MAPCAX polypeptide. The sequence was identified
CC   using BLAST analysis.
XX
SQ   Sequence 6189 BP; 1772 A; 1233 C; 1386 G; 1798 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             99.4%;  Score 3791.4;  DB 13;  Length 6189;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        157 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 216

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        217 TGGGCGCGG-CCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 275

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        276 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 335

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        336 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 395

Qy        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        396 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 455

Qy        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        456 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 515

Qy        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        516 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 575
```

```
Qy    421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    576 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 635

Qy    481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    636 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 695

Qy    541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    696 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 755

Qy    601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    756 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 815

Qy    661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    816 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 875

Qy    721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    876 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 935

Qy    781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    936 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 995

Qy    841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    996 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 1055

Qy    901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1056 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1115

Qy    961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1116 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1175

Qy   1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1176 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1235

Qy   1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1236 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1295

Qy   1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1296 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1355

Qy   1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1356 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1415

Qy   1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1416 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1475

Qy   1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1476 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1535

Qy   1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1536 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1595

Qy   1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1596 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1655

Qy   1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1656 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1715

Qy   1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1716 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1775

Qy   1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1776 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1835

Qy   1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1836 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1895

Qy   1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1896 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1955

Qy   1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1956 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 2015

Qy   1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2016 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 2075

Qy   1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2076 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2135

Qy   1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2136 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2195

Qy   2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db   2196 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2255

Qy   2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2256 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2315

Qy   2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2316 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2375

Qy   2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2376 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2435

Qy   2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2436 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2495

Qy   2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2496 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2555

Qy   2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2556 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2615

Qy   2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2616 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2675

Qy   2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2676 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2735

Qy   2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
          |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2736 CAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2795

Qy       2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2796 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2855

Qy       2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2856 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2915

Qy       2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2916 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2975

Qy       2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2976 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 3035

Qy       2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3036 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 3095

Qy       2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3096 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3155

Qy       3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3156 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3215

Qy       3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3216 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3275

Qy       3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3276 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3335

Qy       3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3336 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3395

Qy       3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3396 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3455

Qy       3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3456 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3515

Qy       3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3516 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3575

Qy       3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3576 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3635

Qy       3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3636 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3695

Qy       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3696 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3755

Qy       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3756 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3815

Qy       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3816 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3875

Qy       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3876 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3935

Qy       3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
              |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3936 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3968


RESULT 11
ADR66604
ID   ADR66604 standard; DNA; 6189 BP.
XX
AC   ADR66604;
XX
DT   02-DEC-2004  (first entry)
XX
DE   Human prostatic carcinoma derived DNA SEQ ID 116 #3.
XX
KW   human; cytostatic; diagnosis; prostatic cancer;
KW   differential expression analysis; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO2004076614-A2.
XX
PD   10-SEP-2004.
XX
PF   22-FEB-2004; 2004WO-DE000433.
XX
PR   27-FEB-2003; 2003DE-01009985.
PR   14-MAY-2003; 2003DE-01022134.
XX
PA   (HINZ/) HINZMANN B.
PA   (DAHL/) DAHL E.
PA   (ROSE/) ROSENTHAL A.
PA   (HERM/) HERMANN K.
PA   (PILA/) PILARSKY C.
XX
PI   Hinzmann B,  Dahl E,  Rosenthal A,  Hermann K,  Pilarsky C,  Specht T;
PI   Schmitt A,  Beckmann G,  Bruemmendorf T,  Kinnemann H,  Roepcke S;
PI   Xinzhong L,  Staub E;
XX
DR   WPI; 2004-653386/63.
XX
PT   New nucleic acids, and encoded proteins, from prostatic cancer tissue,
PT   useful for diagnosis, treatment and in screening for specific binding
PT   agents.
XX
PS   Claim 1; Page 976-978; 1607pp; German.
XX
CC   This invention describes novel cytostatic polynucleotide and polypeptide
CC   sequences which can be used in a method for diagnosing prostatic cancer
CC   or the risk of developing prostatic cancer. Diagnosis is based on
CC   determining over transcription or over expression of the sequences in
CC   prostatic tissue. Screening for inhibitors of the sequences or detection
CC   substances involves a binding assay, any compounds that bind are
CC   selected, optionally after deconvolution of mixtures. Detection of a
CC   predetermined minimum level of the reporter indicates the presence of
CC   tumour cells. Inhibitors can be chosen from antisense oligonucleotides,
CC   short-interfering RNA or ribozymes; an organic molecule of molecular
CC   weight below 5000, preferably 300, that binds to the polypeptide; an
CC   aptamer against the polypeptide; a (monoclonal) antibody (Ab) against the
CC   polypeptide, preferably humanised or human; an anti-idiotype, non-human
CC   (monoclonal) antibody directed against Ab or any of the above derivatised
CC   with a reporter group, cell toxin, immunostimulatory molecules and/or
CC   radioisotope. The polynucleotides are identified in human prostatic
CC   cancer by differential expression analysis, using DNA microarrays,
CC   between normal and tumorous tissues, with (over)expression being detected
CC   by quantitative PCR. Analysis of prostatic cancer samples showed that
CC   CD24 was upregulated in many of them. Sections of tissue, isolated from
CC   prostatic cancer patients, or subjects at risk, were incubated
CC   sequentially with anti-human CD4 murine monoclonal antibodies;
CC   biotinylated second antibody; streptavidin-conjugated horseradish
CC   peroxidase and then diaminobenzidine as colour former (brown). The
CC   samples were counterstained with hemalum (blue). Malignant cells stained
CC   strongly but non-malignant cells only weakly. In 15 of 63 samples of
CC   adenocarcinoma, membrane and cytoplasmic staining was very strong, and
CC   lymph node metastases were also stained. ADR65805-ADR66954 represent the
CC   polynucleotide and polypeptide sequences used in the method of the
CC   invention.
XX
SQ   Sequence 6189 BP; 1772 A; 1233 C; 1386 G; 1798 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             99.4%;  Score 3791.4;  DB 13;  Length 6189;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy        1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
            ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      157 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 216

Qy       61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
            ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      217 TGGGCGCGG-CCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 275

Qy      121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      276 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 335

Qy      181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      336 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 395

Qy      241 GCGCCGGCGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      396 GCGCCGGCGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 455

Qy      301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      456 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 515

Qy      361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      516 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 575

Qy      421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      576 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 635

Qy      481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      636 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 695

Qy      541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      696 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 755

Qy      601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      756 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 815

Qy      661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      816 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 875

Qy      721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      876 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 935

Qy      781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      936 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 995

Qy      841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      996 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 1055

Qy      901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1056 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1115

Qy      961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1116 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1175

Qy     1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1176 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1235

Qy     1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1236 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1295

Qy     1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1296 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1355

Qy     1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1356 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1415

Qy     1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1416 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1475

Qy     1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1476 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1535

Qy     1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1536 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1595

Qy     1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1596 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1655

Qy     1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1656 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1715

Qy     1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1716 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1775

Qy     1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1776 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1835

Qy     1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1836 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1895

Qy     1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1896 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1955

Qy     1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1956 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 2015

Qy     1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2016 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 2075

Qy     1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2076 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2135

Qy        1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2136 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2195

Qy        2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAAACAGGATGGAA 2100
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db        2196 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAAACAGGATGGAA 2255

Qy        2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2256 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2315

Qy        2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2316 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2375

Qy        2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2376 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2435

Qy        2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2436 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2495

Qy        2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2496 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2555

Qy        2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2556 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2615

Qy        2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2616 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2675

Qy        2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2676 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2735

Qy        2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
               |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2736 CAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2795

Qy        2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2796 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2855

Qy        2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2856 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2915

Qy        2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2916 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2975

Qy        2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2976 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 3035

Qy        2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3036 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 3095

Qy        2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3096 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3155

Qy        3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3156 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3215

Qy        3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3216 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3275

Qy        3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3276 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3335

Qy        3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3336 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3395

Qy        3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3396 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3455

Qy        3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3456 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3515

Qy        3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3516 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3575

Qy        3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3576 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3635

Qy        3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3636 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3695

Qy        3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3696 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3755

Qy        3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3756 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3815

Qy        3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3816 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3875

Qy        3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3876 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3935

Qy        3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
               |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3936 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3968

RESULT 12
ADR66262
ID   ADR66262 standard; DNA; 6189 BP.
XX
AC   ADR66262;
XX
DT   02-DEC-2004  (first entry)
XX
DE   Human prostatic carcinoma derived DNA SEQ ID 116 #2.
XX
KW   human; cytostatic; diagnosis; prostatic cancer;
KW   differential expression analysis; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO2004076614-A2.
XX
PD   10-SEP-2004.
XX
```

```
PF   22-FEB-2004; 2004WO-DE000433.
XX
PR   27-FEB-2003; 2003DE-01009985.
PR   14-MAY-2003; 2003DE-01022134.
XX
PA   (HINZ/) HINZMANN B.
PA   (DAHL/) DAHL E.
PA   (ROSE/) ROSENTHAL A.
PA   (HERM/) HERMANN K.
PA   (PILA/) PILARSKY C.
XX
PI   Hinzmann B,  Dahl E,  Rosenthal A,  Hermann K,  Pilarsky C,  Specht T;
PI   Schmitt A,  Beckmann G,  Bruemmendorf T,  Kinnemann H,  Roepcke S;
PI   Xinzhong L,  Staub E;
XX
DR   WPI; 2004-653386/63.
XX
PT   New nucleic acids, and encoded proteins, from prostatic cancer tissue,
PT   useful for diagnosis, treatment and in screening for specific binding
PT   agents.
XX
PS   Claim 1; Page 332-333; 1607pp; German.
XX
CC   This invention describes novel cytostatic polynucleotide and polypeptide
CC   sequences which can be used in a method for diagnosing prostatic cancer
CC   or the risk of developing prostatic cancer. Diagnosis is based on
CC   determining over transcription or over expression of the sequences in
CC   prostatic tissue. Screening for inhibitors of the sequences or detection
CC   substances involves a binding assay, any compounds that bind are
CC   selected, optionally after deconvolution of mixtures. Detection of a
CC   predetermined minimum level of the reporter indicates the presence of
CC   tumour cells. Inhibitors can be chosen from antisense oligonucleotides,
CC   short-interfering RNA or ribozymes; an organic molecule of molecular
CC   weight below 5000, preferably 300, that binds to the polypeptide; an
CC   aptamer against the polypeptide; a (monoclonal) antibody (Ab) against the
CC   polypeptide, preferably humanised or human; an anti-idiotype, non-human
CC   (monoclonal) antibody directed against Ab or any of the above derivatised
CC   with a reporter group, cell toxin, immunostimulatory molecules and/or
CC   radioisotope. The polynucleotides are identified in human prostatic
CC   cancer by differential expression analysis, using DNA microarrays,
CC   between normal and tumorous tissues, with (over)expression being detected
CC   by quantitative PCR. Analysis of prostatic cancer samples showed that
CC   CD24 was upregulated in many of them. Sections of tissue, isolated from
CC   prostatic cancer patients, or subjects at risk, were incubated
CC   sequentially with anti-human CD4 murine monoclonal antibodies;
CC   biotinylated second antibody; streptavidin-conjugated horseradish
CC   peroxidase and then diaminobenzidine as colour former (brown). The
CC   samples were counterstained with hemalum (blue). Malignant cells stained
CC   strongly but non-malignant cells only weakly. In 15 of 63 samples of
CC   adenocarcinoma, membrane and cytoplasmic staining was very strong, and
CC   lymph node metastases were also stained. ADR65805-ADR66954 represent the
CC   polynucleotide and polypeptide sequences used in the method of the
CC   invention.
XX
SQ   Sequence 6189 BP; 1772 A; 1234 C; 1385 G; 1798 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             99.4%;  Score 3791.4;  DB 13;  Length 6189;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        157 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 216

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        217 TGGGCGC-GCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 275

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        276 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 335

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        336 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 395

Qy        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        396 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 455

Qy        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        456 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 515

Qy        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        516 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 575

Qy        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        576 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 635

Qy        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        636 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 695

Qy        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        696 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 755

Qy        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        756 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 815

Qy        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        816 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 875

Qy        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        876 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 935

Qy        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        936 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 995

Qy        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        996 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 1055

Qy        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1056 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1115

Qy        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1116 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1175

Qy       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1176 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1235

Qy       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1236 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1295

Qy       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1296 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1355

Qy       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1356 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1415

Qy       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1416 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1475

Qy          1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1476 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1535

Qy          1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1536 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1595

Qy          1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1596 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1655

Qy          1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1656 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1715

Qy          1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1716 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1775

Qy          1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1776 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1835

Qy          1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1836 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1895

Qy          1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1896 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1955

Qy          1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1956 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 2015

Qy          1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2016 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 2075

Qy          1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2076 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2135

Qy          1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2136 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2195

Qy          2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAAACAGGATGGAA 2100
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db          2196 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAAACAGGATGGAA 2255

Qy          2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2256 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2315

Qy          2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2316 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2375

Qy          2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2376 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2435

Qy          2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2436 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2495

Qy          2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2496 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2555

Qy          2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2556 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2615

Qy          2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2616 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2675

Qy          2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2676 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2735

Qy          2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
                 |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2736 CAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2795

Qy          2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2796 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2855

Qy          2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2856 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2915

Qy          2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2916 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2975

Qy          2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2976 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 3035

Qy          2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3036 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 3095

Qy          2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3096 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3155

Qy          3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3156 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3215

Qy          3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3216 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3275

Qy          3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3276 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3335

Qy          3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3336 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3395

Qy          3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3396 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3455

Qy          3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3456 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3515

Qy          3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3516 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3575

Qy          3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3576 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3635
```

```
Qy       3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3636 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3695

Qy       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3696 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3755

Qy       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3756 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3815

Qy       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3816 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3875

Qy       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3876 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3935

Qy       3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
              |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3936 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3968


RESULT 13
ADW86202
ID   ADW86202 standard; DNA; 6189 BP.
XX
AC   ADW86202;
XX
DT   21-APR-2005  (first entry)
XX
DE   Human Tankyrase 2 DNA.
XX
KW   ds; gene; cancer; tankyrase 2; Cytostatic; Gene Therapy; Neoplasm.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO2005012524-A1.
XX
PD   10-FEB-2005.
XX
PF   23-JUL-2004; 2004WO-GB003235.
XX
PR   25-JUL-2003; 2003GB-00017466.
XX
PA   (UYSH-) UNIV SHEFFIELD.
XX
PI   Helleday T;
XX
DR   WPI; 2005-132664/14.
XX
PT   A poly(ADP-ribosyl)ation polymerase (PARP) inhibitor of activity of an
PT   enzyme that mediates repair of a DNA strand break, useful in treating
PT   diseases with gene defects on homologous recombination.
XX
PS   Disclosure; Fig 13; 52pp; English.
XX
CC   The invention relates to the use of an agent that inhibits the activity
CC   of an enzyme that mediates repair of a DNA strand break in the
CC   manufacture of a medicament for the treatment of diseases caused by a
CC   defect in a gene that mediates homologous recombination (HR). The use is
CC   for the treatment of cancer, preferably lung, colon, pancreatic, gastric,
CC   ovarian, cervical, breast and prostate cancer. The cancer is in a human,
CC   and is gene-linked hereditary cancer. The cancer is specifically breast
CC   cancer, where the cancer cells to be treated are defective in BRCA1 or
CC   BRCA2 expression, and are partially or totally deficient in BRCA1 and/or
CC   BRCA2 expression. The gene that mediates HR is a tumor suppressor gene
CC   that is BRCA1 or BRCA2. The PARP inhibitor is useful in the manufacture
CC   of a medicament for inducing apoptosis in HR defective cells that are
CC   cancer cells, where the cancer cells defective in HR are partially or
CC   totally deficient in HR. The present sequence represents human tankyrase
```

```
CC   2 DNA.
XX
SQ   Sequence 6189 BP; 1772 A; 1233 C; 1386 G; 1798 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             99.4%;  Score 3791.4;  DB 14;  Length 6189;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        157 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 216

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        217 TGGGCGCGG-CCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 275

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        276 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 335

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        336 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 395

Qy        241 GCGCCGGCGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        396 GCGCCGGCGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 455

Qy        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        456 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 515

Qy        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        516 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 575

Qy        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        576 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 635

Qy        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        636 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 695

Qy        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        696 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 755

Qy        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        756 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 815

Qy        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        816 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 875

Qy        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        876 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 935

Qy        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        936 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 995

Qy        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        996 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 1055

Qy        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1056 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1115

Qy        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1116 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1175

Qy        1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1176 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1235

Qy        1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1236 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1295

Qy        1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1296 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1355

Qy        1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1356 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1415

Qy        1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1416 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1475

Qy        1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1476 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1535

Qy        1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1536 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1595

Qy        1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1596 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1655

Qy        1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1656 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1715

Qy        1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1716 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1775

Qy        1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1776 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1835

Qy        1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1836 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1895

Qy        1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1896 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1955

Qy        1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1956 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 2015

Qy        1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2016 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 2075

Qy        1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2076 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2135

Qy        1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2136 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2195

Qy        2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db        2196 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2255

Qy        2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2256 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2315

Qy        2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2316 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2375

Qy        2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2376 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2435

Qy        2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2436 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2495

Qy        2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2496 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2555

Qy        2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2556 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2615

Qy        2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2616 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2675

Qy        2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2676 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2735

Qy        2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
               |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2736 CAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2795

Qy        2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2796 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2855

Qy        2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2856 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2915

Qy        2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2916 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2975

Qy        2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2976 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 3035

Qy        2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3036 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 3095

Qy        2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3096 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3155

Qy        3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3156 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3215

Qy        3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3216 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3275

Qy        3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3276 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3335
```

```
Qy       3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3336 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3395

Qy       3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3396 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3455

Qy       3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3456 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3515

Qy       3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3516 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3575

Qy       3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3576 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3635

Qy       3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3636 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3695

Qy       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3696 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3755

Qy       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3756 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3815

Qy       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3816 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3875

Qy       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3876 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3935

Qy       3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
              |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3936 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3968


RESULT 14
ADW92026
ID   ADW92026 standard; cDNA; 6189 BP.
XX
AC   ADW92026;
XX
DT   21-APR-2005  (first entry)
XX
DE   DNA sequence of the human tankyrase 2 mRNA Seq 5.
XX
KW   genetic disorder; cancer; cytostatic; ds; tumor suppressor.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO2005012305-A2.
XX
PD   10-FEB-2005.
XX
PF   23-JUL-2004; 2004WO-GB003183.
XX
PR   25-JUL-2003; 2003GB-00017466.
PR   16-APR-2004; 2004GB-00008524.
XX
PA   (CANC-) CANCER RES TECHNOLOGY LTD.
XX
PI   Helleday T,  Curtin N;
XX
DR   WPI; 2005-162931/17.
XX
PT   New tricyclic lactam indole and benzimidazole compounds are poly
PT   adenosine diphosphate-ribose polymerase inhibitors used for treating e.g.
PT   cancer.
XX
PS   Disclosure; SEQ ID NO 5; 58pp; English.
XX
CC   This invention relates to novel tricyclic lactam indole and benzimidazole
CC   compounds that inhibit the activity of polyadenosine diphosphate (ADP)-
CC   ribose polymerase (PARP). Specifically, it refers to a method that is
CC   useful for treating a disease or condition caused by a genetic defect
CC   i.e. an absence of a gene encoding a protein that mediates homologous
CC   recombination (HR), cancer i.e. a gene-linked hereditary cancer such as
CC   where the cancer cells are partially or totally deficient in BRCA1 and/or
CC   BRCA2 expression and to induce apoptosis in HR defective cells. The
CC   present invention describes this method as a stand alone therapy that
CC   does not need to be administered as a combination therapy along with
CC   conventional radiotherapy or chemotherapy treatments, avoiding the
CC   associated side effects. Furthermore, only low doses of these compounds
CC   need to be used hence reducing systemic build up and minimizing toxic
CC   effects. Accordingly, such compositions exhibit cytostatic activity and
CC   work as PARP inhibitors. This polynucleotide sequence is the DNA sequence
CC   of human tankyrase-2 mRNA, given in an exemplification of the invention.
XX
SQ   Sequence 6189 BP; 1772 A; 1233 C; 1386 G; 1798 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             99.4%;  Score 3791.4;  DB 14;  Length 6189;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        157 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 216

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        217 TGGGCGCGG-CCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 275

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        276 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 335

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        336 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 395

Qy        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        396 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 455

Qy        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        456 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 515

Qy        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        516 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 575

Qy        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        576 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 635

Qy        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        636 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 695

Qy        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        696 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 755

Qy        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          756 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 815

Qy          661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          816 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 875

Qy          721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          876 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 935

Qy          781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          936 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 995

Qy          841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          996 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 1055

Qy          901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1056 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1115

Qy          961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1116 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1175

Qy         1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1176 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1235

Qy         1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1236 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1295

Qy         1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1296 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1355

Qy         1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1356 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1415

Qy         1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1416 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1475

Qy         1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1476 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1535

Qy         1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1536 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1595

Qy         1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1596 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1655

Qy         1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1656 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1715

Qy         1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1716 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1775

Qy         1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1776 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1835

Qy         1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1836 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1895

Qy         1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1896 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1955

Qy         1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1956 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 2015

Qy         1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2016 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 2075

Qy         1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2076 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2135

Qy         1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2136 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2195

Qy         2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db         2196 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2255

Qy         2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2256 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2315

Qy         2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2316 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2375

Qy         2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2376 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2435

Qy         2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2436 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2495

Qy         2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2496 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2555

Qy         2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2556 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2615

Qy         2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2616 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2675

Qy         2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2676 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2735

Qy         2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
                |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2736 CAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2795

Qy         2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2796 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2855

Qy         2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2856 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2915

Qy         2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2916 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2975
```

```
Qy       2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2976 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 3035

Qy       2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3036 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 3095

Qy       2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3096 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3155

Qy       3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3156 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3215

Qy       3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3216 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3275

Qy       3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3276 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3335

Qy       3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3336 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3395

Qy       3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3396 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3455

Qy       3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3456 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3515

Qy       3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3516 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3575

Qy       3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3576 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3635

Qy       3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3636 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3695

Qy       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3696 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3755

Qy       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3756 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3815

Qy       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3816 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3875

Qy       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3876 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3935

Qy       3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
              |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3936 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3968


RESULT 15
AAD54031
ID   AAD54031 standard; DNA; 6018 BP.
XX
AC   AAD54031;
XX
DT   17-JUN-2003  (first entry)
XX
DE   Human colon cancer-associated polypeptide gene, TNKL (BC-203).
XX
KW   Human; colon cancer-associated polypeptide; immune response; therapy;
KW   colon cancer; gene; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             33. .3283
FT                   /*tag= a
FT                   /product= "Human colon cancer-associated polypeptide"
FT                   /transl_except= (pos:84. .87, aa:Ser)
FT                   /transl_except= (pos:262. .265, aa:Asp)
FT                   /note= "CDS does not include start and stop codon"
FT                   /partial
XX
PN   WO200290986-A1.
XX
PD   14-NOV-2002.
XX
PF   02-MAY-2002; 2002WO-US013994.
XX
PR   04-MAY-2001; 2001US-00849602.
XX
PA   (LUDW-) LUDWIG INST CANCER RES.
PA   (CORR ) CORNELL RES FOUND INC.
XX
PI   Chen Y,  Old LJ,  Scanlan MJ,  Stockert E;
XX
DR   WPI; 2003-112003/10.
DR   P-PSDB; AAE35352.
XX
PT   Diagnosing colon cancer in a subject comprises identifying colon cancer-
PT   associated polypeptides as antigens that elicit immune response in colon
PT   cancer.
XX
PS   Claim 1; Page 85-89; 122pp; English.
XX
CC   The invention relates to a method for diagnosing colon cancer in a
CC   subject which comprises identifying colon cancer-associated polypeptides
CC   as antigens that elicit immune response in colon cancer. The method is
CC   useful for diagnosing, determining onset, progression, or regression of
CC   colon cancer in a subject, or for selecting a course of treatment of a
CC   subject having or suspected of having colon cancer. The colon cancer-
CC   associated polypeptides are useful as markers for diagnosing colon
CC   cancer, and for following the course of treatment of colon cancer. The
CC   present sequence is human colon cancer-associated polypeptide gene
XX
SQ   Sequence 6018 BP; 1741 A; 1171 C; 1328 G; 1778 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             99.3%;  Score 3788.4;  DB 10;  Length 6018;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3803;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          4 GCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCGTGG 63
              |||||  |  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCGTGG 60

Qy         64 GCGCGGCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGGCCC 123
              |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGG-CCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGGCCC 119

Qy        124 TGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGCTCC 183
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        120 TGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGCTCC 179

Qy        184 GGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCTGCG 243
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        180 GGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCTGCG 239
```

```
Qy       244 CCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAG 303
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       240 CCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAG 299

Qy       304 AGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTG 363
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       300 AGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTG 359

Qy       364 AGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAG 423
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       360 AGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAG 419

Qy       424 GTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCAC 483
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       420 GTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCAC 479

Qy       484 GTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAG 543
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       480 GTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAG 539

Qy       544 TCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTC 603
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       540 TCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTC 599

Qy       604 CTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATG 663
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       600 CTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATG 659

Qy       664 GAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCAT 723
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       660 GAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCAT 719

Qy       724 CTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGA 783
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       720 CTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGA 779

Qy       784 GTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAA 843
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       780 GTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAA 839

Qy       844 GTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTG 903
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       840 GTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTG 899

Qy       904 TACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTAC 963
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       900 TACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTAC 959

Qy       964 CATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATG 1023
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       960 CATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATG 1019

Qy      1024 GTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTA 1083
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1020 GTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTA 1079

Qy      1084 AGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCA 1143
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1080 AGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCA 1139

Qy      1144 ATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAG 1203
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1140 ATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAG 1199

Qy      1204 CATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAA 1263
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1200 CATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAA 1259

Qy      1264 TCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAG 1323
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1260 TCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAG 1319
```

```
Qy      1324 CATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGC 1383
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1320 CATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGC 1379

Qy      1384 TAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGG 1443
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1380 TAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGG 1439

Qy      1444 CATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTA 1503
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1440 CATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTA 1499

Qy      1504 ATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTAC 1563
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1500 ATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTAC 1559

Qy      1564 AAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCT 1623
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1560 AAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCT 1619

Qy      1624 TTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCAT 1683
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1620 TTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCAT 1679

Qy      1684 TAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAA 1743
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1680 TAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAA 1739

Qy      1744 CTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGT 1803
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1740 CTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGT 1799

Qy      1804 CTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTAC 1863
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1800 CTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTAC 1859

Qy      1864 AGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCAT 1923
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1860 AGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCAT 1919

Qy      1924 GTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATG 1983
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1920 GTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATG 1979

Qy      1984 TAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAA 2043
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1980 TAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAA 2039

Qy      2044 TTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATA 2103
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Db      2040 TTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAATA 2099

Qy      2104 CTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATG 2163
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2100 CTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATG 2159

Qy      2164 CAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTC 2223
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2160 CAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTC 2219

Qy      2224 CTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAG 2283
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2220 CTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAG 2279

Qy      2284 CTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATG 2343
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2280 CTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATG 2339

Qy      2344 CCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATG 2403
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2340 CCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATG 2399

Qy      2404 TAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCA 2463
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2400 TAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCA 2459

Qy       2464 CACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCC 2523
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2460 CACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCC 2519

Qy       2524 ATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAG 2583
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2520 ATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAG 2579

Qy       2584 CGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTT 2643
              | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2580 CAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTT 2639

Qy       2644 ACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTT 2703
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2640 ACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTT 2699

Qy       2704 CAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGA 2763
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2700 CAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGA 2759

Qy       2764 GTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGG 2823
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2760 GTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGG 2819

Qy       2824 AGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGAC 2883
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2820 AGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGAC 2879

Qy       2884 TTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGA 2943
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2880 TTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGA 2939

Qy       2944 TGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAA 3003
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2940 TGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAA 2999

Qy       3004 TTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGA 3063
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3000 TTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGA 3059

Qy       3064 ACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGT 3123
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3060 ACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGT 3119

Qy       3124 CTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTG 3183
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3120 CTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTG 3179

Qy       3184 GAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGG 3243
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3180 GAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGG 3239

Qy       3244 AAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAAC 3303
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3240 AAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAAC 3299

Qy       3304 GAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAA 3363
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3300 GAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAA 3359

Qy       3364 GGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCA 3423
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3360 GGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCA 3419

Qy       3424 AAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACA 3483
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3420 AAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACA 3479

Qy       3484 GATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTT 3543
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3480 GATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTT 3539

Qy       3544 TCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTG 3603
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3540 TCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTG 3599

Qy       3604 GTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGG 3663
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3600 GTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGG 3659

Qy       3664 CTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGAT 3723
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3660 CTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGAT 3719

Qy       3724 AAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCC 3783
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3720 AAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCC 3779

Qy       3784 TCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
              ||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3780 TCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3809

Search completed: December 18, 2006, 13:14:45
Job time : 2074.14 secs
```

```
                  GenCore version 5.1.9
         Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.


OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on:          December 18, 2006, 12:06:29 ; Search time 20632.4 Seconds
                                              (without alignments)
                                              11827.212 Million cell updates/sec

Title:           US-10-616-101-2
Perfect score:   3816
Sequence:        1 cgcgctgctccgcccgccgc..........cctttgctgaaaaaaaaaaa 3816

Scoring table:   IDENTITY_NUC
                 Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched:        6366136 seqs, 31973710525 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      12732272

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       GenEmbl:*
                 1:  gb_env:*
                 2:  gb_pat:*
                 3:  gb_ph:*
                 4:  gb_pl:*
                 5:  gb_pr:*
                 6:  gb_ro:*
                 7:  gb_sts:*
                 8:  gb_sy:*
                 9:  gb_un:*
                 10:  gb_vi:*
                 11:  gb_ov:*
                 12:  gb_htg:*
                 13:  gb_in:*
                 14:  gb_om:*
                 15:  gb_ba:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                                    SUMMARIES
                   %
Result           Query
  No.    Score   Match Length DB  ID                     Description
------------------------------------------------------------------------------
    1     3816   100.0   3816  2  AR392873               AR392873 Sequence
    2     3816   100.0   3816  2  AR653624               AR653624 Sequence
    3     3793    99.4   6028  5  AF309033               AF309033 Homo sapi
    4     3793    99.4   6123  2  AX057579               AX057579 Sequence
    5   3791.4    99.4   4275  2  AR361486               AR361486 Sequence
    6   3791.4    99.4   4406  2  AX062247               AX062247 Sequence
    7   3791.4    99.4   4992  2  AX062275               AX062275 Sequence
    8   3791.4    99.4   5002  2  AX062273               AX062273 Sequence
    9   3791.4    99.4   6189  2  CQ896544               CQ896544 Sequence
   10   3791.4    99.4   6189  2  CS019687               CS019687 Sequence
   11   3791.4    99.4   6189  2  CS023798               CS023798 Sequence
   12   3791.4    99.4   6189  5  AF438201               AF438201 Homo sapi
   13   3788.4    99.3   6018  2  AR584137               AR584137 Sequence
   14   3770.8    98.8   5075  2  AR578380               AR578380 Sequence
   15     3737    97.9   4295  5  AF305081               AF305081 Homo sapi
   16   3724.8    97.6   3815  5  AF329696               AF329696 Homo sapi
   17   3595.8    94.2   4127  2  AX062241               AX062241 Sequence
   18   3594.8    94.2   4512  2  AR232161               AR232161 Sequence
   19   3594.8    94.2   4512  2  AX076213               AX076213 Sequence
   20   3585.8    94.0   5810  5  AF264912               AF264912 Homo sapi
   21   3504.8    91.8   3508  2  AX062142               AX062142 Sequence
   22     3499    91.7   3501  5  AF342982               AF342982 Homo sapi
   23   3488.8    91.4   3498  2  AR232162               AR232162 Sequence
   24   3488.8    91.4   3498  2  AX076214               AX076214 Sequence
   25   3393.4    88.9   3797  2  AR392872               AR392872 Sequence
   26   3393.4    88.9   3797  2  AR653623               AR653623 Sequence
   27   3387.6    88.8   3394  2  AR352002               AR352002 Sequence
   28   3387.6    88.8   3394  2  AX133694               AX133694 Sequence
   29     3341    87.6   4297  2  AR361485               AR361485 Sequence
   30     3297    86.4   3400  2  BD075726               BD075726 Potential
   31     3297    86.4   3400  2  AX029397               AX029397 Sequence
   32     3039    79.6   4493  2  AR361484               AR361484 Sequence
   33   2774.6    72.7   5005  2  AX052530               AX052530 Sequence
   34   2522.6    66.1   3930 11  AY142107               AY142107 Gallus ga
   35   2439.8    63.9   2971  2  AX062233               AX062233 Sequence
   36   2439.8    63.9   3353  2  AX062229               AX062229 Sequence
   37   2357.8    61.8   3799  2  AX062231               AX062231 Sequence
   38     2122    55.6   3254  2  AX057580               AX057580 Sequence
   39   1922.4    50.4   4130  5  HSM804989              AL833676 Homo sapi
   40   1921.4    50.4   4054  6  BC057370               BC057370 Mus muscu
   41   1906.4    50.0   3804 11  AY142108               AY142108 Gallus ga
   42     1885    49.4   3984  2  AX062144               AX062144 Sequence
   43     1885    49.4   4134  2  BD235110               BD235110 Tankyrase
   44     1885    49.4   4134  2  AR274521               AR274521 Sequence
   45     1885    49.4   4134  2  AR361487               AR361487 Sequence


                                   ALIGNMENTS


RESULT 1
AR392873
LOCUS       AR392873               3816 bp    DNA     linear   PAT 18-DEC-2003
DEFINITION  Sequence 2 from patent US 6617102.
ACCESSION   AR392873
VERSION     AR392873.1  GI:40118098
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3816)
  AUTHORS   Luo,Y., Chan,E., Xu,X., Huang,B. and Ossovskaya,V.
  TITLE     Tankyrase H, compositions involved in the cell cycle and methods of
            use
  JOURNAL   Patent: US 6617102-A 2 09-SEP-2003;
            Rigel Pharmaceuticals, Inc.; South San Francisco, CA
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..3816
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"
ORIGIN

  Query Match             100.0%;  Score 3816;  DB 2;  Length 3816;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 3816;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
```

```
Qy        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300

Qy        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360

Qy        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420

Qy        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480

Qy        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540

Qy        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600

Qy        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660

Qy        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720

Qy        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780

Qy        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840

Qy        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900

Qy        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960

Qy        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020

Qy       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080

Qy       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140

Qy       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200

Qy       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260

Qy       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320

Qy       1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380

Qy       1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440

Qy       1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500

Qy       1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560

Qy       1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620

Qy       1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680

Qy       1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740

Qy       1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800

Qy       1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860

Qy       1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920

Qy       1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980

Qy       1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040

Qy       2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100

Qy       2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160

Qy       2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220

Qy       2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280

Qy       2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340

Qy       2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400

Qy       2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460

Qy       2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520

Qy       2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580

Qy       2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640

Qy       2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700

Qy       2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760

Qy       2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820

Qy       2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880

Qy       2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940

Qy       2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000

Qy       3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060

Qy       3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120

Qy       3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180

Qy       3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240

Qy       3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300

Qy       3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360

Qy       3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420

Qy       3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480

Qy       3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540

Qy       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600

Qy       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660

Qy       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720

Qy       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780

Qy       3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3816
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3816


RESULT 2
AR653624
LOCUS       AR653624                3816 bp    DNA     linear   PAT 13-JUN-2005
DEFINITION  Sequence 2 from patent US 6887675.
ACCESSION   AR653624
VERSION     AR653624.1  GI:67584113
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3816)
  AUTHORS   Luo,Y., Chan,E., Xu,X., Huang,B. and Ossovskaya,V.
  TITLE     Tankyrase H, compositions involved in the cell cycle and methods of
            use
  JOURNAL   Patent: US 6887675-A 2 03-MAY-2005;
            Rigel Pharmaceuticals, Inc.; South San Francisco, CA
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..3816
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"
ORIGIN

  Query Match            100.0%;  Score 3816;  DB 2;  Length 3816;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 3816;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240

Qy        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300

Qy        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
```

```
Qy        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420

Qy        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480

Qy        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540

Qy        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600

Qy        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660

Qy        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720

Qy        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780

Qy        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840

Qy        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900

Qy        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960

Qy        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020

Qy       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080

Qy       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140

Qy       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200

Qy       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260

Qy       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320

Qy       1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380

Qy       1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440

Qy       1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500

Qy       1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560

Qy       1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620

Qy       1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680

Qy       1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740

Qy       1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800

Qy       1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860

Qy       1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920

Qy       1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980

Qy       1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040

Qy       2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100

Qy       2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160

Qy       2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220

Qy       2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280

Qy       2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340

Qy       2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400

Qy       2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460

Qy       2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520

Qy       2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580

Qy        2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640

Qy        2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700

Qy        2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760

Qy        2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820

Qy        2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880

Qy        2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940

Qy        2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000

Qy        3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060

Qy        3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120

Qy        3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180

Qy        3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240

Qy        3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300

Qy        3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360

Qy        3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420

Qy        3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480

Qy        3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540

Qy        3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600

Qy        3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660

Qy        3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720

Qy        3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780

Qy        3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3816
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3816


RESULT 3
AF309033
LOCUS       AF309033                6028 bp    mRNA    linear   PRI 31-JUL-2001
DEFINITION  Homo sapiens tankyrase-2 (TNKS-2) mRNA, complete cds.
ACCESSION   AF309033
VERSION     AF309033.1  GI:15042551
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 6028)
  AUTHORS   Chi,N.-W. and Lodish,H.F.
  TITLE     A novel homolog of Tankyrase
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 6028)
  AUTHORS   Chi,N.-W. and Lodish,H.F.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (27-SEP-2000) Whitehead Institute for Biomedical
            Research, 9 Cambridge Center, Cambridge, MA 02142, USA
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..6028
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /chromosome="10"
                     /map="10q23.1"
                     /note="STS WI-16054"
     gene            1..6028
                     /gene="TNKS-2"
     CDS             252..3752
                     /gene="TNKS-2"
                     /note="poly(ADP-ribose) polymerase containing ankyrin
                     repeats and SAM (sterile alpha module) motif"
                     /codon_start=1
                     /product="tankyrase-2"
                     /protein_id="AAK82330.1"
                     /db_xref="GI:15042552"
                     /translation="MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLV
                     TPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFG
                     HAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTA
                     LDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLA
                     AGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLW
                     QFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHS
                     LLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGAN
                     INEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCR
                     LLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETV
                     KKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNA
                     CSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRD
                     GNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTP
                     LHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNA
                     TDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAM
                     PPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVS
                     SSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKE
                     IGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEM
                     QSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLF
                     HGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRS
                     CYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQ
                     AYPEYLITYQIMRPEGMVDG"
     polyA_signal    6010. .6015
                     /gene="TNKS-2"
ORIGIN

  Query Match             99.4%;  Score 3793;  DB 5;  Length 6028;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3807;  Conservative    0;  Mismatches    5;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         29 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 88

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         89 TGGGCGCGG-CCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 147

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        148 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 207

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        208 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 267

Qy        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        268 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 327

Qy        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        328 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 387

Qy        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        388 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 447

Qy        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        448 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 507

Qy        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        508 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 567

Qy        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        568 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 627

Qy        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        628 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 687

Qy        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        688 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 747

Qy        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        748 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 807

Qy        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        808 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 867

Qy        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        868 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 927

Qy        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        928 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 987

Qy        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        988 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1047

Qy       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1048 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1107

Qy       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1108 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1167

Qy       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1168 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1227

Qy       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1228 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1287

Qy       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1288 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1347

Qy       1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1348 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1407

Qy       1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1408 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1467

Qy       1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1468 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1527

Qy       1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1528 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1587

Qy       1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1588 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1647

Qy       1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1648 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1707

Qy       1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1708 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1767

Qy       1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1768 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1827

Qy       1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1828 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1887

Qy       1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1888 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1947

Qy       1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1948 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2007

Qy       1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2008 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2067

Qy       2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
```

```
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db         2068 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2127

Qy         2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2128 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2187

Qy         2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2188 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2247

Qy         2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2248 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2307

Qy         2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2308 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2367

Qy         2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2368 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2427

Qy         2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2428 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2487

Qy         2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2488 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2547

Qy         2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2548 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2607

Qy         2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2608 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2667

Qy         2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2668 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2727

Qy         2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2728 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2787

Qy         2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2788 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2847

Qy         2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2848 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2907

Qy         2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2908 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2967

Qy         2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2968 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3027

Qy         3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3028 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3087

Qy         3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3088 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3147

Qy         3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3148 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3207

Qy         3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3208 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3267

Qy         3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3268 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3327

Qy         3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3328 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3387

Qy         3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3388 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3447

Qy         3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3448 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3507

Qy         3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3508 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3567

Qy         3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3568 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3627

Qy         3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3628 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3687

Qy         3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3688 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3747

Qy         3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3748 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3807

Qy         3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
                |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3808 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3840


RESULT 4
AX057579
LOCUS       AX057579                6123 bp    DNA     linear   PAT 17-JAN-2001
DEFINITION  Sequence 2 from Patent WO0077225.
ACCESSION   AX057579
VERSION     AX057579.1  GI:12310301
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Chi,N.W. and Lodish,H.F.
  TITLE     A novel insulin signaling molecule
  JOURNAL   Patent: WO 0077225-A 2 21-DEC-2000;
            WHITEHEAD INSTITUTE FOR BIOMEDICAL RESEARCH (US) ; THE GENERAL
            HOSPITAL CORPORATION (US)
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .6123
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="unassigned DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
ORIGIN

  Query Match             99.4%;  Score 3793;  DB 2;  Length 6123;
```

```
Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
Matches 3807;  Conservative    0;  Mismatches    5;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy        1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
            ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       29 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 88

Qy       61 TGGGCGCGGCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
            ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       89 TGGGCGCGG-CCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 147

Qy      121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      148 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 207

Qy      181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      208 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 267

Qy      241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      268 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 327

Qy      301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      328 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 387

Qy      361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      388 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 447

Qy      421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      448 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 507

Qy      481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      508 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 567

Qy      541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      568 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 627

Qy      601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      628 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 687

Qy      661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      688 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 747

Qy      721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      748 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 807

Qy      781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      808 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 867

Qy      841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      868 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 927

Qy      901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      928 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 987

Qy      961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      988 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1047

Qy     1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db     1048 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1107

Qy     1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1108 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1167

Qy     1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1168 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1227

Qy     1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1228 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1287

Qy     1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1288 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1347

Qy     1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1348 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1407

Qy     1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1408 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1467

Qy     1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1468 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1527

Qy     1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1528 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1587

Qy     1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1588 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1647

Qy     1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1648 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1707

Qy     1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1708 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1767

Qy     1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1768 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1827

Qy     1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1828 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1887

Qy     1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1888 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1947

Qy     1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1948 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2007

Qy     1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2008 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2067

Qy     2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db     2068 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2127

Qy     2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2128 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2187
```

```
Qy       2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2188 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2247

Qy       2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2248 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2307

Qy       2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2308 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2367

Qy       2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2368 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2427

Qy       2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2428 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2487

Qy       2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2488 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2547

Qy       2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2548 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2607

Qy       2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2608 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2667

Qy       2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2668 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2727

Qy       2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2728 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2787

Qy       2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2788 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2847

Qy       2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2848 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2907

Qy       2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2908 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2967

Qy       2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2968 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3027

Qy       3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3028 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3087

Qy       3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3088 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3147

Qy       3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3148 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3207

Qy       3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3208 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3267
```

```
Qy       3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3268 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3327

Qy       3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3328 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3387

Qy       3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3388 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3447

Qy       3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3448 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3507

Qy       3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3508 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3567

Qy       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3568 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3627

Qy       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3628 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3687

Qy       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3688 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3747

Qy       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3748 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3807

Qy       3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
              |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3808 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3840


RESULT 5
AR361486
LOCUS       AR361486                4275 bp    DNA     linear   PAT 17-AUG-2003
DEFINITION  Sequence 5 from patent US 6599728.
ACCESSION   AR361486
VERSION     AR361486.1  GI:33769334
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4275)
  AUTHORS   Morin,G.B., Funk,W.D. and Piatyszek,M.A.
  TITLE     Second mammalian tankyrase
  JOURNAL   Patent: US 6599728-A 5 29-JUL-2003;
            Geron Corporation; Menlo Park, CA
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..4275
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"
ORIGIN

  Query Match             99.4%;  Score 3791.4;  DB 2;  Length 4275;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||  |  ||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db         61 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCATCGAGGGGCGCGCG 120

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 TGGGCGCGG-CCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 179
```

```
Qy     121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     180 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 239

Qy     181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     240 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 299

Qy     241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     300 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 359

Qy     301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     360 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 419

Qy     361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     420 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 479

Qy     421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     480 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 539

Qy     481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     540 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 599

Qy     541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     600 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 659

Qy     601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     660 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 719

Qy     661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     720 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 779

Qy     721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     780 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 839

Qy     781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     840 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 899

Qy     841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     900 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 959

Qy     901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     960 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1019

Qy     961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1020 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1079

Qy    1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1080 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1139

Qy    1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1140 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1199

Qy    1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1200 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1259

Qy    1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1260 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1319

Qy    1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1320 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1379

Qy    1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1380 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1439

Qy    1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1440 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1499

Qy    1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1500 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1559

Qy    1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1560 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1619

Qy    1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1620 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1679

Qy    1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1680 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1739

Qy    1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1740 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1799

Qy    1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1800 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1859

Qy    1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1860 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1919

Qy    1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1920 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1979

Qy    1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1980 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2039

Qy    1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2040 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2099

Qy    2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db    2100 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2159

Qy    2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2160 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2219

Qy    2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2220 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2279

Qy    2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2280 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2339

Qy    2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2340 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2399

Qy        2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2400 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2459

Qy        2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2460 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2519

Qy        2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2520 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2579

Qy        2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2580 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2639

Qy        2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2640 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2699

Qy        2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2700 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2759

Qy        2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2760 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2819

Qy        2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2820 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2879

Qy        2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2880 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2939

Qy        2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2940 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2999

Qy        2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3000 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3059

Qy        3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3060 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3119

Qy        3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3120 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3179

Qy        3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3180 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3239

Qy        3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3240 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3299

Qy        3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3300 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3359

Qy        3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3360 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3419

Qy        3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3420 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3479

Qy        3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3480 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3539

Qy        3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3540 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3599

Qy        3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3600 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3659

Qy        3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3660 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3719

Qy        3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3720 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3779

Qy        3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3780 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3839

Qy        3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
               |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3840 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3872


RESULT 6
AX062247
LOCUS       AX062247                4406 bp    DNA     linear   PAT 24-JAN-2001
DEFINITION  Sequence 106 from Patent WO0100849.
ACCESSION   AX062247
VERSION     AX062247.1  GI:12540148
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Christenson,E., Demaggio,A.J., Goldman,P.S. and Mcelligott,D.L.
  TITLE     Tankyrase2 materials and methods
  JOURNAL   Patent: WO 0100849-A 106 04-JAN-2001;
            ICOS CORPORATION (US)
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .4406
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="unassigned DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
     CDS             <2. .3790
                     /note="unnamed protein product"
                     /codon_start=1
                     /protein_id="CAC25062.1"
                     /db_xref="GI:12540149"
                     /translation="ELAGGALPASAAASFQDPDGGFALPPPPRGSRGAGSPARGARGR
                     GHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLLRLLALLLAVAAARIMSGRRC
                     AGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHF
                     AAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDN
                     WNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE
                     LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVH
                     AKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLL
                     LSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLE
                     MVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAH
                     NDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTAL
                     QMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQST
                     PLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVN
                     VADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLR
                     GDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHG
                     ADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQL
                     CALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSP
                     GATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDF
                     SITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLI
                     SGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRY
                     NILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAY
                     IGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFL
                     QFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG
                     "
ORIGIN

  Query Match             99.4%;  Score 3791.4;  DB 2;  Length 4406;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy      1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
          ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     67 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 126

Qy     61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
          ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    127 TGGGCGCGG-CCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 185

Qy    121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    186 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 245

Qy    181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    246 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 305

Qy    241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    306 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 365

Qy    301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    366 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 425

Qy    361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    426 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 485

Qy    421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    486 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 545

Qy    481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    546 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 605

Qy    541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    606 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 665

Qy    601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    666 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 725

Qy    661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    726 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 785

Qy    721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    786 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 845

Qy    781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    846 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 905

Qy    841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    906 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 965

Qy    901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    966 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1025

Qy    961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1026 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1085

Qy   1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1086 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1145

Qy   1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1146 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1205

Qy   1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1206 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1265

Qy   1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1266 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1325

Qy   1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1326 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1385

Qy   1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1386 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1445

Qy   1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1446 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1505

Qy   1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1506 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1565

Qy   1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1566 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1625

Qy   1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1626 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1685

Qy   1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1686 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1745

Qy   1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1746 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1805

Qy   1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1806 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1865

Qy   1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1866 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1925

Qy   1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1926 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1985

Qy   1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1986 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2045
```

```
Qy        1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2046 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2105

Qy        2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db        2106 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2165

Qy        2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2166 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2225

Qy        2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2226 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2285

Qy        2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2286 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2345

Qy        2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2346 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2405

Qy        2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2406 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2465

Qy        2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2466 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2525

Qy        2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2526 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2585

Qy        2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2586 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2645

Qy        2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
               |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2646 CAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2705

Qy        2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2706 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2765

Qy        2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2766 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2825

Qy        2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2826 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2885

Qy        2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2886 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2945

Qy        2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2946 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 3005

Qy        2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3006 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3065

Qy        3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3066 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3125

Qy        3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3126 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3185

Qy        3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3186 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3245

Qy        3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3246 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3305

Qy        3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3306 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3365

Qy        3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3366 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3425

Qy        3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3426 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3485

Qy        3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3486 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3545

Qy        3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3546 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3605

Qy        3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3606 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3665

Qy        3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3666 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3725

Qy        3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3726 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3785

Qy        3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3786 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3845

Qy        3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
               |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3846 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3878


RESULT 7
AX062275
LOCUS       AX062275                4992 bp    DNA     linear   PAT 24-JAN-2001
DEFINITION  Sequence 134 from Patent WO0100849.
ACCESSION   AX062275
VERSION     AX062275.1  GI:12540176
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Christenson,E., Demaggio,A.J., Goldman,P.S. and Mcelligott,D.L.
  TITLE     Tankyrase2 materials and methods
  JOURNAL   Patent: WO 0100849-A 134 04-JAN-2001;
            ICOS CORPORATION (US)
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .4992
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="unassigned DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
     CDS             876..4376
                     /note="unnamed protein product"
                     /codon_start=1
                     /protein_id="CAC25067.1"
                     /db_xref="GI:12540177"
                     /translation="MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLV
                     TPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFG
                     HAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTA
                     LDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLA
                     AGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLW
                     QFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHS
                     LLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGAN
                     INEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCR
                     LLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETV
                     KKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNA
                     CSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRD
                     GNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTP
                     LHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNA
                     TDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAM
                     PPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVS
                     SSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKE
                     IGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEM
                     QSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLF
                     HGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRS
                     CYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQ
                     AYPEYLITYQIMRPEGMVDG"
ORIGIN

  Query Match             99.4%;  Score 3791.4;  DB 2;  Length 4992;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        653 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 712

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        713 TGGGCGCGG-CCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 771

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        772 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 831

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        832 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 891

Qy        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        892 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 951

Qy        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        952 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 1011

Qy        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1012 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 1071

Qy        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1072 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 1131

Qy        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1132 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 1191

Qy        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1192 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 1251

Qy        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1252 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 1311

Qy        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1312 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 1371

Qy        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1372 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 1431

Qy        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1432 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 1491

Qy        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1492 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 1551

Qy        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1552 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1611

Qy        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1612 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1671

Qy       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1672 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1731

Qy       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1732 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1791

Qy       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1792 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1851

Qy       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1852 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1911

Qy       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1912 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1971

Qy       1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1972 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 2031

Qy       1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2032 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 2091

Qy       1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2092 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 2151

Qy       1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2152 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 2211

Qy       1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2212 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 2271

Qy       1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2272 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 2331

Qy       1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2332 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 2391

Qy        1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2392 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 2451

Qy        1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2452 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 2511

Qy        1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2512 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 2571

Qy        1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2572 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2631

Qy        1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2632 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2691

Qy        2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db        2692 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2751

Qy        2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2752 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2811

Qy        2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2812 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2871

Qy        2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2872 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2931

Qy        2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2932 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2991

Qy        2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2992 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 3051

Qy        2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3052 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 3111

Qy        2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3112 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 3171

Qy        2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3172 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 3231

Qy        2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
               |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3232 CAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 3291

Qy        2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3292 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 3351

Qy        2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3352 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 3411

Qy        2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3412 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 3471

Qy        2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3472 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 3531

Qy        2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3532 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 3591

Qy        2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3592 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3651

Qy        3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3652 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3711

Qy        3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3712 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3771

Qy        3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3772 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3831

Qy        3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3832 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3891

Qy        3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3892 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3951

Qy        3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3952 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 4011

Qy        3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4012 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 4071

Qy        3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4072 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 4131

Qy        3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4132 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 4191

Qy        3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4192 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 4251

Qy        3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4252 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 4311

Qy        3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4312 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 4371

Qy        3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4372 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 4431

Qy        3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
               |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4432 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 4464


RESULT 8
AX062273
```

```
LOCUS       AX062273                5002 bp    DNA     linear   PAT 24-JAN-2001
DEFINITION  Sequence 132 from Patent WO0100849.
ACCESSION   AX062273
VERSION     AX062273.1  GI:12540174
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Christenson,E., Demaggio,A.J., Goldman,P.S. and Mcelligott,D.L.
  TITLE     Tankyrase2 materials and methods
  JOURNAL   Patent: WO 0100849-A 132 04-JAN-2001;
            ICOS CORPORATION (US)
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .5002
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="unassigned DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
     CDS             229. .4386
                     /note="unnamed protein product"
                     /codon_start=1
                     /protein_id="CAC25066.1"
                     /db_xref="GI:12540175"
                     /translation="MWKLKTRTISTVRLPKECARSEQNFQGLFFSVMVVRKFSLESPG
                     LKTTTTKNTICRIVRLQQNPPQRWRWDEAPSPAAEASRLTFPTNPSRRLASRNLPSRC
                     PATAHARDDVTCAPGAGRSWQELAGGALPASAAASFQDPDGGFALPPPPRGSRGAGSP
                     ARGARGRGHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLLRLLALLLAVAAAR
                     IMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGR
                     KSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGA
                     DPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLT
                     GEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLL
                     QHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNR
                     VEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRI
                     KKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLH
                     VASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIIS
                     LQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRD
                     IEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLV
                     KHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDT
                     DIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVA
                     EYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAA
                     QKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQV
                     LNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKK
                     EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLI
                     KGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHA
                     GGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKG
                     FDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRV
                     TLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMR
                     PEGMVDG"
ORIGIN

  Query Match             99.4%;  Score 3791.4;  DB 2;  Length 5002;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        663 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 722

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        723 TGGGCGCGG-CCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 781

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        782 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 841

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        842 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 901

Qy        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300

              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        902 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 961

Qy        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        962 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 1021

Qy        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1022 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 1081

Qy        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1082 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 1141

Qy        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1142 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 1201

Qy        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1202 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 1261

Qy        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1262 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 1321

Qy        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1322 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 1381

Qy        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1382 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 1441

Qy        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1442 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 1501

Qy        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1502 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 1561

Qy        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1562 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1621

Qy        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1622 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1681

Qy       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1682 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1741

Qy       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1742 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1801

Qy       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1802 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1861

Qy       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1862 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1921

Qy       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1922 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1981

Qy       1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1982 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 2041

Qy      1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2042 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 2101

Qy      1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2102 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 2161

Qy      1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2162 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 2221

Qy      1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2222 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 2281

Qy      1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2282 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 2341

Qy      1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2342 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 2401

Qy      1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2402 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 2461

Qy      1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2462 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 2521

Qy      1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2522 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 2581

Qy      1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2582 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2641

Qy      1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2642 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2701

Qy      2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db      2702 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2761

Qy      2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2762 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2821

Qy      2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2822 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2881

Qy      2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2882 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2941

Qy      2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2942 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 3001

Qy      2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3002 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 3061

Qy      2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3062 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 3121

Qy      2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3122 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 3181

Qy      2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3182 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 3241

Qy      2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
             |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3242 CAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 3301

Qy      2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3302 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 3361

Qy      2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3362 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 3421

Qy      2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3422 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 3481

Qy      2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3482 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 3541

Qy      2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3542 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 3601

Qy      2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3602 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3661

Qy      3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3662 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3721

Qy      3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3722 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3781

Qy      3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3782 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3841

Qy      3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3842 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3901

Qy      3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3902 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3961

Qy      3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3962 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 4021

Qy      3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4022 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 4081

Qy      3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4082 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 4141

Qy      3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4142 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 4201
```

```
Qy       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4202 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 4261

Qy       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4262 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 4321

Qy       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4322 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 4381

Qy       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4382 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 4441

Qy       3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
              |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4442 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 4474


RESULT 9
CQ896544
LOCUS       CQ896544                6189 bp    DNA     linear   PAT 05-NOV-2004
DEFINITION  Sequence 368 from Patent WO2004076614.
ACCESSION   CQ896544
VERSION     CQ896544.1  GI:55468267
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Hinzmann,B., Dahl,E., Rosenthal,A., Specht,T., Schmitt,A.,
            Beckmann,G., Bruemmendorf,T., Kinnemann,H., Roepcke,S., Hermann,K.,
            Xinzhong,L., Pilarsky,C. and Staub,E.
  TITLE     Human nucleic acid sequences obtained from prostatic carcinomas
  JOURNAL   Patent: WO 2004076614-A 368 10-SEP-2004;
            Hinzmann, Bernd (DE); Dahl, Edgar (DE); Rosenthal, Andre (DE);
            Specht, Thomas (DE); Schmitt, Armin (DE)
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..6189
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="unassigned DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
ORIGIN

  Query Match             99.4%;  Score 3791.4;  DB 2;  Length 6189;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        157 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 216

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        217 TGGGCGCGG-CCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 275

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        276 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 335

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        336 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 395

Qy        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        396 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 455

Qy        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        456 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 515

Qy        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        516 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 575

Qy        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        576 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 635

Qy        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        636 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 695

Qy        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        696 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 755

Qy        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        756 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 815

Qy        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        816 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 875

Qy        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        876 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 935

Qy        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        936 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 995

Qy        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        996 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 1055

Qy        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1056 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1115

Qy        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1116 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1175

Qy       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1176 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1235

Qy       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1236 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1295

Qy       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1296 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1355

Qy       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1356 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1415

Qy       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1416 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1475

Qy       1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1476 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1535

Qy       1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1536 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1595

Qy       1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1596 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1655

Qy       1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1656 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1715

Qy       1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1716 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1775

Qy       1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1776 GCTTTACTGCTTTACAGATGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1835

Qy       1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1836 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1895

Qy       1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1896 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1955

Qy       1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1956 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 2015

Qy       1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2016 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 2075

Qy       1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2076 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2135

Qy       1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2136 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2195

Qy       2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db       2196 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2255

Qy       2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2256 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2315

Qy       2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2316 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2375

Qy       2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2376 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2435

Qy       2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2436 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2495

Qy       2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2496 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2555

Qy       2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2556 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2615

Qy       2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2616 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2675

Qy       2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2676 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2735

Qy       2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
              |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2736 CAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2795

Qy       2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2796 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2855

Qy       2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2856 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2915

Qy       2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2916 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2975

Qy       2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2976 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 3035

Qy       2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3036 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 3095

Qy       2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3096 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3155

Qy       3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3156 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3215

Qy       3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3216 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3275

Qy       3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3276 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3335

Qy       3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3336 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3395

Qy       3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3396 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3455

Qy       3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3456 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3515

Qy       3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3516 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3575

Qy       3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3576 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3635

Qy       3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3636 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3695

Qy       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3696 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3755
```

```
Qy     3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3756 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3815

Qy     3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3816 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3875

Qy     3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3876 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3935

Qy     3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
            |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3936 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3968


RESULT 10
CS019687
LOCUS       CS019687                6189 bp    DNA     linear   PAT 23-FEB-2005
DEFINITION  Sequence 8 from Patent WO2005012524.
ACCESSION   CS019687
VERSION     CS019687.1  GI:60220692
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Helleday,T.
  TITLE     Use of RNAi inhibiting parp activity for the manufacture of a
            medicament for the treatment of cancer
  JOURNAL   Patent: WO 2005012524-A 8 10-FEB-2005;
            The University of Sheffield (GB)
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..6189
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="unassigned DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
ORIGIN

  Query Match             99.4%;  Score 3791.4;  DB 2;  Length 6189;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy        1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
            ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      157 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 216

Qy       61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
            ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      217 TGGGCGCGG-CCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 275

Qy      121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      276 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 335

Qy      181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      336 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 395

Qy      241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      396 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 455

Qy      301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      456 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 515

Qy      361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      516 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 575

Qy      421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      576 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 635

Qy      481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      636 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 695

Qy      541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      696 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 755

Qy      601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      756 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 815

Qy      661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      816 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 875

Qy      721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      876 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 935

Qy      781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      936 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 995

Qy      841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      996 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 1055

Qy      901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1056 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1115

Qy      961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1116 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1175

Qy     1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1176 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1235

Qy     1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1236 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1295

Qy     1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1296 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1355

Qy     1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1356 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1415

Qy     1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1416 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1475

Qy     1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1476 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1535

Qy     1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1536 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1595

Qy     1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1596 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1655
```

```
Qy     1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1656 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1715

Qy     1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1716 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1775

Qy     1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1776 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1835

Qy     1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1836 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1895

Qy     1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1896 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1955

Qy     1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1956 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 2015

Qy     1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2016 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 2075

Qy     1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2076 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2135

Qy     1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2136 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2195

Qy     2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db     2196 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2255

Qy     2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2256 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2315

Qy     2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2316 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2375

Qy     2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2376 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2435

Qy     2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2436 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2495

Qy     2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2496 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2555

Qy     2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2556 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2615

Qy     2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2616 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2675

Qy     2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2676 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2735

Qy     2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
            |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2736 CAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2795

Qy     2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2796 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2855

Qy     2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2856 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2915

Qy     2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2916 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2975

Qy     2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2976 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 3035

Qy     2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3036 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 3095

Qy     2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3096 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3155

Qy     3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3156 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3215

Qy     3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3216 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3275

Qy     3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3276 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3335

Qy     3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3336 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3395

Qy     3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3396 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3455

Qy     3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3456 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3515

Qy     3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3516 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3575

Qy     3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3576 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3635

Qy     3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3636 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3695

Qy     3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3696 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3755

Qy     3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3756 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3815

Qy     3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3816 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3875

Qy       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3876 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3935

Qy       3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
              |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3936 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3968


RESULT 11
CS023798
LOCUS       CS023798                6189 bp    DNA     linear   PAT 23-FEB-2005
DEFINITION  Sequence 5 from Patent WO2005012305.
ACCESSION   CS023798
VERSION     CS023798.1  GI:60222868
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Helleday,T. and Curtin,N.
  TITLE     Tricyclic parp inhibitors
  JOURNAL   Patent: WO 2005012305-A 5 10-FEB-2005;
            Cancer Research Technology Limited (GB)
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..6189
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="unassigned DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
ORIGIN

  Query Match             99.4%;  Score 3791.4;  DB 2;  Length 6189;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        157 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 216

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        217 TGGGCGCGG-CCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 275

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        276 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 335

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        336 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 395

Qy        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        396 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 455

Qy        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        456 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 515

Qy        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        516 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 575

Qy        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        576 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 635

Qy        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        636 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 695

Qy        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        696 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 755

Qy        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        756 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 815

Qy        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        816 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 875

Qy        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        876 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 935

Qy        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        936 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 995

Qy        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        996 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 1055

Qy        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1056 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1115

Qy        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1116 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1175

Qy       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1176 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1235

Qy       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1236 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1295

Qy       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1296 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1355

Qy       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1356 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1415

Qy       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1416 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1475

Qy       1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1476 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1535

Qy       1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1536 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1595

Qy       1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1596 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1655

Qy       1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1656 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1715

Qy       1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1716 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1775
```

```
Qy        1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1776 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1835

Qy        1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1836 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1895

Qy        1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1896 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1955

Qy        1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1956 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 2015

Qy        1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2016 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 2075

Qy        1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2076 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2135

Qy        1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2136 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2195

Qy        2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db        2196 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2255

Qy        2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2256 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2315

Qy        2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2316 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2375

Qy        2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2376 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2435

Qy        2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2436 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2495

Qy        2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2496 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2555

Qy        2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2556 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2615

Qy        2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2616 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2675

Qy        2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2676 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2735

Qy        2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
               |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2736 CAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2795

Qy        2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2796 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2855

Qy        2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2856 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2915

Qy        2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2916 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2975

Qy        2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2976 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 3035

Qy        2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3036 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 3095

Qy        2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3096 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3155

Qy        3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3156 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3215

Qy        3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3216 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3275

Qy        3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3276 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3335

Qy        3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3336 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3395

Qy        3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3396 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3455

Qy        3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3456 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3515

Qy        3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3516 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3575

Qy        3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3576 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3635

Qy        3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3636 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3695

Qy        3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3696 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3755

Qy        3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3756 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3815

Qy        3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3816 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3875

Qy        3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3876 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3935

Qy        3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
```

```
              |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3936 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3968


RESULT 12
AF438201
LOCUS       AF438201                6189 bp    mRNA    linear   PRI 12-DEC-2001
DEFINITION  Homo sapiens tankyrase II mRNA, complete cds.
ACCESSION   AF438201
VERSION     AF438201.1  GI:17530294
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 6189)
  AUTHORS   Yin,Y. and Gelmann,E.P.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (22-OCT-2001) Lombardi Cancer Center, Georgetown
            University, 3800 Reservoir Rd, NW, Washington, DC 20007, USA
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .6189
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /chromosome="10"
                     /map="10q24"
     CDS             380. .3880
                     /note="telomerase binding protein"
                     /codon_start=1
                     /product="tankyrase II"
                     /protein_id="AAL40795.1"
                     /db_xref="GI:17530295"
                     /translation="MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLV
                     TPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFG
                     HAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTA
                     LDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLA
                     AGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLW
                     QFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHS
                     LLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGAN
                     INEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCR
                     LLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETV
                     KKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNA
                     CSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRD
                     GNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTP
                     LHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNA
                     TDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAM
                     PPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVS
                     SSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKE
                     IGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEM
                     QSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLF
                     HGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRS
                     CYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQ
                     AYPEYLITYQIMRPEGMVDG"
ORIGIN

  Query Match             99.4%;  Score 3791.4;  DB 5;  Length 6189;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        157 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 216

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        217 TGGGCGCGG-CCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 275

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        276 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 335

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        336 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 395

Qy        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        396 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 455

Qy        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        456 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 515

Qy        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        516 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 575

Qy        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        576 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 635

Qy        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        636 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 695

Qy        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        696 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 755

Qy        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        756 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 815

Qy        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        816 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 875

Qy        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        876 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 935

Qy        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        936 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 995

Qy        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        996 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 1055

Qy        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1056 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1115

Qy        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1116 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1175

Qy       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1176 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1235

Qy       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1236 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1295

Qy       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1296 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1355

Qy       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1356 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1415

Qy       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
```

```
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1416 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1475

Qy   1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1476 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1535

Qy   1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1536 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1595

Qy   1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1596 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1655

Qy   1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1656 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1715

Qy   1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1716 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1775

Qy   1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1776 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1835

Qy   1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1836 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1895

Qy   1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1896 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1955

Qy   1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1956 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 2015

Qy   1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2016 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 2075

Qy   1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2076 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2135

Qy   1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2136 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2195

Qy   2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db   2196 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2255

Qy   2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2256 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2315

Qy   2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2316 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2375

Qy   2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2376 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2435

Qy   2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2436 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2495

Qy   2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2496 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2555

Qy   2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2556 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2615

Qy   2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2616 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2675

Qy   2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2676 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2735

Qy   2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
          |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2736 CAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2795

Qy   2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2796 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2855

Qy   2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2856 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2915

Qy   2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2916 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2975

Qy   2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2976 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 3035

Qy   2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3036 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 3095

Qy   2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3096 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3155

Qy   3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3156 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3215

Qy   3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3216 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3275

Qy   3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3276 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3335

Qy   3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3336 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3395

Qy   3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3396 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3455

Qy   3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3456 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3515

Qy   3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3516 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3575

Qy   3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3576 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3635
```

```
Qy       3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3636 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3695

Qy       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3696 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3755

Qy       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3756 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3815

Qy       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3816 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3875

Qy       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3876 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3935

Qy       3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
              |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3936 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3968


RESULT 13
AR584137
LOCUS       AR584137                6018 bp    DNA     linear   PAT 15-DEC-2004
DEFINITION  Sequence 11 from patent US 6794501.
ACCESSION   AR584137
VERSION     AR584137.1  GI:56622263
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 6018)
  AUTHORS   Chen,Y.-T., Old,L.J., Scanlan,M.J. and Stockert,E.
  TITLE     Colon cancer antigen panel
  JOURNAL   Patent: US 6794501-A 11 21-SEP-2004;
            Ludwig Institute for Cancer Research and Cornell Research
            Foundation, Inc.; New York, NY
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..6018
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"
ORIGIN

  Query Match             99.3%;  Score 3788.4;  DB 2;  Length 6018;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3803;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          4 GCTGCTCCGCCCGCCGCGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCGTGG 63
              |||||  |  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCTGCCTCCGCCGCCGCGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCGTGG 60

Qy         64 GCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGGCCC 123
              |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGG-CCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGGCCC 119

Qy        124 TGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGCTCC 183
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        120 TGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGCTCC 179

Qy        184 GGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCTGCG 243
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        180 GGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCTGCG 239

Qy        244 CCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAG 303
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        240 CCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAG 299

Qy        304 AGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTG 363
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        300 AGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTG 359

Qy        364 AGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAG 423
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        360 AGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAG 419

Qy        424 GTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCAC 483
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        420 GTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCAC 479

Qy        484 GTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAG 543
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        480 GTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAG 539

Qy        544 TCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTC 603
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        540 TCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTC 599

Qy        604 CTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATG 663
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        600 CTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATG 659

Qy        664 GAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCAT 723
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        660 GAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCAT 719

Qy        724 CTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGA 783
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        720 CTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGA 779

Qy        784 GTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAA 843
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        780 GTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAA 839

Qy        844 GTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTG 903
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        840 GTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTG 899

Qy        904 TACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTAC 963
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        900 TACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTAC 959

Qy        964 CATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATG 1023
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        960 CATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATG 1019

Qy       1024 GTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTA 1083
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1020 GTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTA 1079

Qy       1084 AGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCA 1143
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1080 AGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCA 1139

Qy       1144 ATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAG 1203
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1140 ATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAG 1199

Qy       1204 CATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAA 1263
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1200 CATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAA 1259

Qy       1264 TCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAG 1323
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1260 TCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAG 1319

Qy       1324 CATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGC 1383
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1320 CATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGC 1379

Qy       1384 TAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGG 1443
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1380 TAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGG 1439

Qy     1444 CATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTA 1503
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1440 CATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTA 1499

Qy     1504 ATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTAC 1563
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1500 ATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTAC 1559

Qy     1564 AAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCT 1623
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1560 AAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCT 1619

Qy     1624 TTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCAT 1683
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1620 TTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCAT 1679

Qy     1684 TAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAA 1743
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1680 TAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAA 1739

Qy     1744 CTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGT 1803
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1740 CTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGT 1799

Qy     1804 CTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTAC 1863
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1800 CTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTAC 1859

Qy     1864 AGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCAT 1923
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1860 AGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCAT 1919

Qy     1924 GTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATG 1983
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1920 GTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATG 1979

Qy     1984 TAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAA 2043
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1980 TAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAA 2039

Qy     2044 TTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATA 2103
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Db     2040 TTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAATA 2099

Qy     2104 CTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATG 2163
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2100 CTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATG 2159

Qy     2164 CAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTC 2223
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2160 CAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTC 2219

Qy     2224 CTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAG 2283
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2220 CTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAG 2279

Qy     2284 CTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATG 2343
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2280 CTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATG 2339

Qy     2344 CCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATG 2403
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2340 CCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATG 2399

Qy     2404 TAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCA 2463
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2400 TAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCA 2459

Qy     2464 CACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCC 2523
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2460 CACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCC 2519

Qy     2524 ATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAG 2583
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2520 ATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAG 2579

Qy     2584 CGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTT 2643
            | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2580 CAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTT 2639

Qy     2644 ACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTT 2703
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2640 ACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTT 2699

Qy     2704 CAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGA 2763
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2700 CAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGA 2759

Qy     2764 GTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGG 2823
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2760 GTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGG 2819

Qy     2824 AGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGAC 2883
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2820 AGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGAC 2879

Qy     2884 TTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGA 2943
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2880 TTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGA 2939

Qy     2944 TGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAA 3003
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2940 TGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAA 2999

Qy     3004 TTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGA 3063
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3000 TTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGA 3059

Qy     3064 ACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGT 3123
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3060 ACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGT 3119

Qy     3124 CTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTG 3183
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3120 CTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTG 3179

Qy     3184 GAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGG 3243
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3180 GAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGG 3239

Qy     3244 AAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAAC 3303
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3240 AAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAAC 3299

Qy     3304 GAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAA 3363
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3300 GAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAA 3359

Qy     3364 GGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCA 3423
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3360 GGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCA 3419

Qy     3424 AAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACA 3483
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3420 AAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACA 3479

Qy     3484 GATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTT 3543
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3480 GATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTT 3539

Qy     3544 TCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTG 3603
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3540 TCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTG 3599
```

```
Qy     3604 GTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGG 3663
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3600 GTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGG 3659

Qy     3664 CTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGAT 3723
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3660 CTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGAT 3719

Qy     3724 AAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCC 3783
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3720 AAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCC 3779

Qy     3784 TCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
            ||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3780 TCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3809


RESULT 14
AR578380
LOCUS       AR578380                5075 bp    DNA     linear   PAT 14-DEC-2004
DEFINITION  Sequence 556 from patent US 6783969.
ACCESSION   AR578380
VERSION     AR578380.1  GI:56581176
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 5075)
  AUTHORS   Tang,Y.T., Goodrich,R.W., Asundi,V. and Drmanac,R.T.
  TITLE     Cathepsin V-like polypeptides
  JOURNAL   Patent: US 6783969-A 556 31-AUG-2004;
            Nuvelo, Inc.; Sunnyvale, CA
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..5075
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"
ORIGIN

  Query Match             98.8%;  Score 3770.8;  DB 2;  Length 5075;
  Best Local Similarity   99.6%;  Pred. No. 0;
  Matches 3800;  Conservative    0;  Mismatches   12;  Indels    2;  Gaps    2;

Qy        1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
            ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       29 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 88

Qy       61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
            |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       89 TGGGCGCGG-CCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 147

Qy      121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCT-CGCGGGGCCGGGGCTCCTG 179
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||
Db      148 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCCCCGGGGCCGGGGCTCCTG 207

Qy      180 CTCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGC 239
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      208 CTCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGC 267

Qy      240 TGCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCC 299
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      268 TGCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCC 327

Qy      300 CGAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACG 359
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      328 CGAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCCCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACG 387

Qy      360 CCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCC 419
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  |  ||||||||||||||||
Db      388 CCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAAATCCACCCGCTGCACTTCGCC 447

Qy      420 GCAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAA 479
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Db      448 GCAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAAAATGGTGCAAATGTCCAA 507

Qy      480 GCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAA 539
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      508 GCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAA 567

Qy      540 GTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTAT 599
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      568 GTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTAT 627

Qy      600 ACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAG 659
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      628 ACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAG 687

Qy      660 CATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGAT 719
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      688 CATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGAT 747

Qy      720 CCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCC 779
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      748 CCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCC 807

Qy      780 AGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCAC 839
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      808 AGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCAC 867

Qy      840 GCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAG 899
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      868 GCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAG 927

Qy      900 ATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTG 959
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      928 ATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTG 987

Qy      960 GTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAG 1019
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      988 GTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAG 1047

Qy     1020 CATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCT 1079
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1048 CATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCT 1107

Qy     1080 TCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTG 1139
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1108 TCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTG 1167

Qy     1140 CTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGA 1199
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1168 CTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGA 1227

Qy     1200 TTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACT 1259
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1228 TTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACT 1287

Qy     1260 CGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAA 1319
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1288 CGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAA 1347

Qy     1320 ACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTG 1379
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1348 ACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTG 1407

Qy     1380 TTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCAC 1439
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1408 TTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCAC 1467

Qy     1440 GTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAG 1499
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1468 GTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAG 1527

Qy     1500 GTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCAT 1559
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1528 GTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCAT 1587
```

```
Qy       1560 CTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAG 1619
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1588 CTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAG 1647

Qy       1620 GGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATC 1679
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1648 GGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATC 1707

Qy       1680 TCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTC 1739
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1708 TCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTC 1767

Qy       1740 GAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGT 1799
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1768 GAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGT 1827

Qy       1800 CAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTG 1859
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1828 CAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTG 1887

Qy       1860 CTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAAT 1919
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1888 CTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAAT 1947

Qy       1920 GCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTT 1979
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1948 GCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTT 2007

Qy       1980 AATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATAT 2039
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2008 AATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATAT 2067

Qy       2040 GAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGA 2099
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Db       2068 GAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGA 2127

Qy       2100 AATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGA 2159
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2128 AATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGA 2187

Qy       2160 GATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCT 2219
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2188 GATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCT 2247

Qy       2220 TCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTA 2279
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2248 TCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTA 2307

Qy       2280 GCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTG 2339
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2308 GCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTG 2367

Qy       2340 AATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTA 2399
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2368 AATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTA 2427

Qy       2400 GATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCT 2459
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2428 GATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCT 2487

Qy       2460 TTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTA 2519
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db.      2488 TTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTA 2547

Qy       2520 GCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTT 2579
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2548 GCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTT 2607

Qy       2580 TCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCT 2639
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2608 TCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCT 2667

Qy       2640 TGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTC 2699
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2668 TGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTC 2727

Qy       2700 TCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCT 2759
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2728 TCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCT 2787

Qy       2760 GGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGT 2819
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2788 GGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGT 2847

Qy       2820 TTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTT 2879
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2848 TTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTT 2907

Qy       2880 GGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTT 2939
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2908 GGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTT 2967

Qy       2940 GAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAA 2999
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2968 GAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAA 3027

Qy       3000 CTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACT 3059
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3028 CTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACT 3087

Qy       3060 TTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTT 3119
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3088 TTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTT 3147

Qy       3120 CAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCA 3179
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3148 CAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCA 3207

Qy       3180 GGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTA 3239
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3208 GGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTA 3267

Qy       3240 TGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAAT 3299
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3268 TGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAAT 3327

Qy       3300 GAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGAT 3359
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3328 GAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGAT 3387

Qy       3360 GAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCT 3419
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3388 GAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCT 3447

Qy       3420 TCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAA 3479
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3448 TCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAA 3507

Qy       3480 GACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAG 3539
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3508 GACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAG 3567

Qy       3540 TCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTC 3599
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3568 TCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTC 3627

Qy       3600 ACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAA 3659
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3628 ACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAA 3687

Qy       3660 CAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGAT 3719
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3688 CAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGAT 3747

Qy       3720 GGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGT 3779
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3748 GGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGT 3807

Qy      3780 GGCCTCTACGTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3808 GGCCTCTACGTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3841


RESULT 15
AF305081
LOCUS       AF305081                4295 bp    mRNA    linear   PRI 17-APR-2001
DEFINITION  Homo sapiens tankyrase-related protein mRNA, partial cds.
ACCESSION   AF305081
VERSION     AF305081.1  GI:10953951
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4295)
  AUTHORS   Monz,D., Munnia,A., Comtesse,N., Fischer,U., Steudel,W.I.,
            Feiden,W., Glass,B. and Meese,E.U.
  TITLE     Novel tankyrase-related gene detected with meningioma-specific sera
  JOURNAL   Clin. Cancer Res. 7 (1), 113-119 (2001)
   PUBMED   11205898
REFERENCE   2  (bases 1 to 4295)
  AUTHORS   Monz,D.W. and Meese,E.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (12-SEP-2000) Human Genetics, Universitaet des
            Saarlandes, Geb. 60, Homburg 66421, Germany
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..4295
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
     CDS             <1..3800
                     /codon_start=3
                     /product="tankyrase-related protein"
                     /protein_id="AAG25674.1"
                     /db_xref="GI:10953952"
                     /translation="HEAGRSWQEGPCQLPPPRRFRTRTADSRCLRRRGAAGGQGAQRG
                     ARVGGHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLLRLLALLLAVAAARIMS
                     GRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST
                     PLHFAAXFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPN
                     ARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEY
                     KKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHG
                     ADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEV
                     CSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFQRPLVAAXAREADVTRIKKH
                     LSLEMVIQASQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASE
                     KAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGF
                     TALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGR
                     QSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGA
                     VVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQD
                     LLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLL
                     QHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGR
                     TQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGV
                     RSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPG
                     VDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVE
                     RLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIF
                     NRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDER
                     HAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGK
                     SFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGM
                     VDG"
ORIGIN

  Query Match            97.9%;  Score 3737;  DB 5;  Length 4295;
  Best Local Similarity  99.6%;  Pred. No. 0;
  Matches 3798;  Conservative    1;  Mismatches    7;  Indels    8;  Gaps    5;

Qy         1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
             ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        82 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 141

Qy        61 TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
             |||||   | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       142 TGGGC---GGCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 198

Qy       121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       199 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 258

Qy       181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       259 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 318

Qy       241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       319 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 378

Qy       301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       379 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 438

Qy       361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       439 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 498

Qy       421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       499 CAGNTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 558

Qy       481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       559 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 618

Qy       541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       619 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 678

Qy       601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       679 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 738

Qy       661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       739 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 798

Qy       721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       799 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 858

Qy       781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       859 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 918

Qy       841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       919 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 978

Qy       901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       979 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1038

Qy       961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1039 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1098

Qy      1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1099 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1158

Qy      1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1159 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1218

Qy      1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1219 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1278

Qy        1201 TAGCATATGAATTT-AAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACT 1259
               |||||||||||||| ||||||||||||||||||||| :||||||||||||||||||||||
Db        1279 TAGCATATGAATTTCAAAGGCCACTCGTTGCTGCAA-STGCACGAGAAGCTGATGTTACT 1337

Qy        1260 CGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAA 1319
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||||||||| ||||||||||||||
Db        1338 CGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGA--TTCAAGCAT-CTCAAACACATGAA 1394

Qy        1320 ACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTG 1379
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1395 ACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTG 1454

Qy        1380 TTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCAC 1439
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1455 TTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCAC 1514

Qy        1440 GTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAG 1499
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1515 GTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAG 1574

Qy        1500 GTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCAT 1559
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1575 GTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCAT 1634

Qy        1560 CTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAG 1619
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1635 CTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAG 1694

Qy        1620 GGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATC 1679
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1695 GGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATC 1754

Qy        1680 TCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTC 1739
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1755 TCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTC 1814

Qy        1740 GAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGT 1799
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1815 GAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGT 1874

Qy        1800 CAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTG 1859
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1875 CAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTG 1934

Qy        1860 CTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAAT 1919
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1935 CTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAAT 1994

Qy        1920 GCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTT 1979
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1995 GCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTT 2054

Qy        1980 AATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATAT 2039
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2055 AATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATAT 2114

Qy        2040 GAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGA 2099
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Db        2115 GAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGA 2174

Qy        2100 AATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGA 2159
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2175 AATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGA 2234

Qy        2160 GATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCT 2219
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2235 GATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCT 2294

Qy        2220 TCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTA 2279
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        2295 TCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTA 2354

Qy        2280 GCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTG 2339
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2355 GCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTG 2414

Qy        2340 AATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTA 2399
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2415 AATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTA 2474

Qy        2400 GATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCT 2459
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2475 GATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCT 2534

Qy        2460 TTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTA 2519
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2535 TTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTA 2594

Qy        2520 GCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTT 2579
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2595 GCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTT 2654

Qy        2580 TCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCT 2639
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2655 TCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCT 2714

Qy        2640 TGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTC 2699
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2715 TGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTC 2774

Qy        2700 TCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCT 2759
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2775 TCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCT 2834

Qy        2760 GGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGT 2819
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2835 GGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGT 2894

Qy        2820 TTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTT 2879
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2895 TTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTT 2954

Qy        2880 GGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTT 2939
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2955 GGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTT 3014

Qy        2940 GAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAA 2999
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3015 GAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAA 3074

Qy        3000 CTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACT 3059
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3075 CTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACT 3134

Qy        3060 TTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTT 3119
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3135 TTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTT 3194

Qy        3120 CAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCA 3179
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3195 CAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCA 3254

Qy        3180 GGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTA 3239
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3255 GGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTA 3314

Qy        3240 TGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAAT 3299
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3315 TGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAAT 3374

Qy        3300 GAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGAT 3359
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3375 GAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGAT 3434
```

```
Qy       3360 GAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCT 3419
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3435 GAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCT 3494

Qy       3420 TCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAA 3479
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3495 TCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAA 3554

Qy       3480 GACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAG 3539
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3555 GACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAG 3614

Qy       3540 TCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTC 3599
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3615 TCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTC 3674

Qy       3600 ACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAA 3659
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3675 ACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAA 3734

Qy       3660 CAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGAT 3719
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3735 CAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGAT 3794

Qy       3720 GGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGT 3779
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3795 GGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGT 3854

Qy       3780 GGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3855 GGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3888

Search completed: December 19, 2006, 00:40:58
Job time : 20642.4 secs
```

```
                      GenCore version 5.1.9
             Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.


OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on:          December 18, 2006, 13:00:27 ; Search time 16877.5 Seconds
                                              (without alignments)
                                              12643.339 Million cell updates/sec

Title:           US-10-616-101-2
Perfect score:   3816
Sequence:        1 cgcgctgctccgcccgccgc..........cctttgctgaaaaaaaaaaa 3816

Scoring table:   IDENTITY_NUC
                 Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched:        48236798 seqs, 27959665780 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      96473596

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       EST:*
                 1:  gb_est1:*
                 2:  gb_est3:*
                 3:  gb_est4:*
                 4:  gb_est5:*
                 5:  gb_est6:*
                 6:  gb_htc:*
                 7:  gb_est2:*
                 8:  gb_est7:*
                 9:  gb_est8:*
                 10:  gb_est9:*
                 11:  gb_gss1:*
                 12:  gb_gss2:*
                 13:  gb_gss3:*
                 14:  gb_gss4:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                                SUMMARIES
                 %
Result           Query
  No.    Score   Match Length DB  ID                          Description
 ------------------------------------------------------------------------------
     1  1663.4   43.6   1967  6   AK047094                    AK047094 Mus muscu
     2  1609.8   42.2   3417  6   AK048860                    AK048860 Mus muscu
     3  1481.8   38.8   2226  6   AK149368                    AK149368 Mus muscu
     4  1436.2   37.6   3194  6   AK080913                    AK080913 Mus muscu
     5  1271.6   33.3   3612  14  DQ034114                     DQ034114 Homo sapi
     6   892.2   23.4   3107  14  DQ034115                     DQ034115 Pan trogl
     7   884.4   23.2    888  8   CR983155                    CR983155 CR983155
     8   859.6   22.5    926  8   CR987822                    CR987822 CR987822
     9   784.2   20.6    838  1   AU140145                    AU140145 AU140145
    10   777.2   20.4   1078  6   AK163335                    AK163335 Mus muscu
    11   770.6   20.2    898  10  DT808067                     DT808067 LB0173.CR
c   12   766.8   20.1    834  5   CK847047                    CK847047 969630 MA
    13     709   18.6    848  9   DN536421                    DN536421 1372517 M
    14   692.8   18.2    819  9   DA733094                    DA733094 DA733094
    15   687.8   18.0    955  4   CB183123                    CB183123 AGENCOURT
    16   672.4   17.6    675  4   CB128566                    CB128566 K-EST0178
    17   672.2   17.6   1128  2   BM457025                    BM457025 AGENCOURT
c   18   665.2   17.4    754  4   CB170279                    CB170279 CEY603161
    19   661.4   17.3    663  9   DA326495                    DA326495 DA326495
```

```
    20     652   17.1    661  8   CR767085                    CR767085 DKFZp469A
c   21     652   17.1    923  5   CF407574                    CF407574 CH3#049_C
    22   649.2   17.0    659  10  R64714                       R64714 EST54a09 WA
    23   648.2   17.0    781  8   CN525726                    CN525726 UI-M-HN0-
    24   644.2   16.9    753  8   CV558255                    CV558255 UI-M-HZ0-
    25   643.8   16.9    691  2   BG391376                    BG391376 602417447
c   26     643   16.9    750  9   DN537809                    DN537809 1374053 M
    27   642.8   16.8    759  1   AL601027                    AL601027 DKFZp313G
    28     638   16.7    654  9   DR005885                    DR005885 TC110047
    29     637   16.7    709  4   BX925031                    BX925031 BX925031
    30   636.6   16.7    756  8   CN459472                    CN459472 UI-M-HN0-
    31   635.4   16.7    759  5   CK635046                    CK635046 UI-M-HN0-
    32   634.4   16.6    950  3   BQ885764                    BQ885764 AGENCOURT
    33   632.6   16.6    743  5   CF539235                    CF539235 UI-M-GH0-
    34   629.2   16.5    642  8   CR550014                    CR550014 DKFZp459D
    35   628.8   16.5    730  9   DN268735                    DN268735 LIB30320_
    36     623   16.3    729  8   CN527536                    CN527536 UI-M-HQ0-
    37   622.8   16.3    638  4   BX474686                    BX474686 DKFZp686J
    38   620.4   16.3    728  8   CN529262                    CN529262 UI-M-HQ0-
    39   618.2   16.2    682  9   DA733093                    DA733093 DA733093
    40   617.6   16.2    740  8   CO433927                    CO433927 UI-M-HX0-
    41   617.2   16.2    776  8   CO434293                    CO434293 UI-M-HX0-
    42   616.4   16.2    724  5   CF533694                    CF533694 UI-M-FY0-
    43   615.4   16.1    732  8   CO429777                    CO429777 UI-M-HX0-
    44   614.2   16.1    747  5   CF727485                    CF727485 UI-M-HB0-
    45     612   16.0    733  8   CN534125                    CN534125 UI-M-HO0-


                                ALIGNMENTS


RESULT 1
AK047094
LOCUS       AK047094                1967 bp    mRNA    linear   HTC 02-SEP-2005
DEFINITION  Mus musculus 10 days neonate cerebellum cDNA, RIKEN full-length
            enriched library, clone:B930018O21 product:TANKYRASE-RELATED
            PROTEIN (FRAGMENT) homolog [Homo sapiens], full insert sequence.
ACCESSION   AK047094
VERSION     AK047094.1  GI:26338577
KEYWORDS    HTC; CAP trapper.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia;
            Sciurognathi; Muroidea; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Carninci,P. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     High-efficiency full-length cDNA cloning
  JOURNAL   Meth. Enzymol. 303, 19-44 (1999)
   PUBMED   10349636
REFERENCE   2
  AUTHORS   Carninci,P., Shibata,Y., Hayatsu,N., Sugahara,Y., Shibata,K.,
            Itoh,M., Konno,H., Okazaki,Y., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Normalization and subtraction of cap-trapper-selected cDNAs to
            prepare full-length cDNA libraries for rapid discovery of new genes
  JOURNAL   Genome Res. 10 (10), 1617-1630 (2000)
   PUBMED   11042159
REFERENCE   3
  AUTHORS   Shibata,K., Itoh,M., Aizawa,K., Nagaoka,S., Sasaki,N., Carninci,P.,
            Konno,H., Akiyama,J., Nishi,K., Kitsunai,T., Tashiro,H., Itoh,M.,
            Sumi,N., Ishii,Y., Nakamura,S., Hazama,M., Nishine,T., Harada,A.,
            Yamamoto,R., Matsumoto,H., Sakaguchi,S., Ikegami,T., Kashiwagi,K.,
            Fujiwake,S., Inoue,K., Togawa,Y., Izawa,M., Ohara,E., Watahiki,M.,
            Yoneda,Y., Ishikawa,T., Ozawa,K., Tanaka,T., Matsuura,S., Kawai,J.,
            Okazaki,Y., Muramatsu,M., Inoue,Y., Kira,A. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     RIKEN integrated sequence analysis (RISA) system--384-format
            sequencing pipeline with 384 multicapillary sequencer
  JOURNAL   Genome Res. 10 (11), 1757-1771 (2000)
   PUBMED   11076861
REFERENCE   4
  AUTHORS   The RIKEN Genome Exploration Research Group Phase II Team and the
            FANTOM Consortium.
  TITLE     Functional annotation of a full-length mouse cDNA collection
```

```
JOURNAL   Nature 409, 685-690 (2001)
REFERENCE 5
AUTHORS   The FANTOM Consortium, the RIKEN Genome Exploration Research Group
          Phase I and II Team.
TITLE     Analysis of the mouse transcriptome based on functional annotation
          of 60,770 full-length cDNAs
JOURNAL   Nature 420, 563-573 (2002)
REFERENCE 6
AUTHORS   RIKEN Genome Exploration Research Group, Genome Science Group
          (Genome Network Core Team) and the FANTOM Consortium.
TITLE     Antisense Transcription in the Mammalian Transcriptome
JOURNAL   Science 309, 1564-1566 (2005)
REFERENCE 7
AUTHORS   The FANTOM Consortium, Riken Genome Exploration Research Group and
          Genome Science Group (Genome Network Project Core Group).
TITLE     The Transcriptional Landscape of the Mammalian Genome
JOURNAL   Science 309, 1559-1563 (2005)
REFERENCE 8  (bases 1 to 1967)
AUTHORS   Adachi,J., Aizawa,K., Akimura,T., Arakawa,T., Bono,H., Carninci,P.,
          Fukuda,S., Furuno,M., Hanagaki,T., Hara,A., Hashizume,W.,
          Hayashida,K., Hayatsu,N., Hiramoto,K., Hiraoka,T., Hirozane,T.,
          Hori,F., Imotani,K., Ishii,Y., Itoh,M., Kagawa,I., Kasukawa,T.,
          Katoh,H., Kawai,J., Kojima,Y., Kondo,S., Konno,H., Kouda,M.,
          Koya,S., Kurihara,C., Matsuyama,T., Miyazaki,A., Murata,M.,
          Nakamura,M., Nishi,K., Nomura,K., Numazaki,R., Ohno,M., Ohsato,N.,
          Okazaki,Y., Saito,R., Saitoh,H., Sakai,C., Sakai,K., Sakazume,N.,
          Sano,H., Sasaki,D., Shibata,K., Shinagawa,A., Shiraki,T.,
          Sogabe,Y., Tagami,M., Tagawa,A., Takahashi,F., Takaku-Akahira,S.,
          Takeda,Y., Tanaka,T., Tomaru,A., Toya,T., Yasunishi,A.,
          Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
TITLE     Direct Submission
JOURNAL   Submitted (16-JUL-2001) Yoshihide Hayashizaki, The Institute of
          Physical and Chemical Research (RIKEN), Laboratory for Genome
          Exploration Research Group, RIKEN Genomic Sciences Center (GSC),
          RIKEN Yokohama Institute; 1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama,
          Kanagawa, 230-0045, Japan (E-mail:genome-res@gsc.riken.jp,
          URL:http://genome.gsc.riken.jp/, Tel:81-45-503-9222,
          Fax:81-45-503-9216)
COMMENT   cDNA library was prepared and sequenced in Mouse Genome
          Encyclopedia Project of Genome Exploration Research Group in Riken
          Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in RIKEN.
          Division of Experimental Animal Research in Riken contributed to
          prepare mouse tissues.
          Please visit our web site for further details.
          URL:http://genome.gsc.riken.jp/
          URL:http://fantom.gsc.riken.jp/.
FEATURES           Location/Qualifiers
     source        1. .1967
                   /organism="Mus musculus"
                   /mol_type="mRNA"
                   /strain="C57BL/6J"
                   /db_xref="FANTOM_DB:B930018O21"
                   /db_xref="taxon:10090"
                   /clone="B930018O21"
                   /tissue_type="cerebellum"
                   /clone_lib="RIKEN full-length enriched mouse cDNA library"
                   /dev_stage="10 days neonate"
     CDS           166. .>1967
                   /note="unnamed protein product; TANKYRASE-RELATED PROTEIN
                   (FRAGMENT) homolog [Homo sapiens] (SPTR|Q9HAS4, evidence:
                   FASTY, 94.6%ID, 51.4%length, match=1959)
                   putative"
                   /codon_start=1
                   /protein_id="BAC32960.2"
                   /db_xref="GI:74217481"
                   /translation="MSGRRCAGGGAACASAGAEAVEPSARELFEACRNGDVERVKRLV
                   TPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFG
                   HAEVVNLLLQHGAHPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTA
                   LDLADPSAKAVLTGDYKEDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLA
                   AEYNRVKIVQLLLHHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLW
                   QFTPLHEAASKNRIEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTAQLKERLSYEFKGHS
                   LLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGAN
                   TNEKTKEFLTPLHVASENAHNDVVEVVVKHEAKVNALDSLGQTSLHRAAHCGHLQTCR
                   LLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGASLGHSEADRQLLEAAKAGDVETV
                   KKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNA
                   CSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAA"
ORIGIN

  Query Match             43.6%;  Score 1663.4;  DB 6;  Length 1967;
  Best Local Similarity   90.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1782;  Conservative    0;  Mismatches  176;  Indels    3;  Gaps    1;

Qy         69 GCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGGCCCTGAGC 128
              | |||||||| | ||||  || ||||||||| ||||||  |||||||||||||||||||
Db          7 GGCCATGGACCGTGCCGACTCTGGTGACAGCGGGGAGCGGAGCGGCCCGGGCCCTGAGC 66

Qy        129 GCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGCTCCGGTTG 188
              |||||| || ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||| |  |||
Db         67 GCGTCTCCTGCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCCGGGCTCCTGCTGCCTTTG 126

Qy        189 CTGGCGCTGTTGCT---GGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCTGCGCC 245
              ||||||||| ||||   ||| | |||||||||| |||||||||| || ||||||||||||
Db        127 CTGGCGCTGCTGCTGGCGGCGGCGGCGGCGGCCCGGATCATGTCTGGCCGCCGCTGCGCC 186

Qy        246 GGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAGAG 305
              |||||||| ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||| ||||||| |||
Db        187 GGCGGGGGCGCGGCCTGCGCGAGCGCCGGGGCCGAGGCCGTGGAGCCGTCCGCCCGCGAG 246

Qy        306 CTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTGAG 365
              ||||||||||| ||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||| |||
Db        247 CTGTTCGAGGCTTGCCGCAACGGGGACGTGGAGCGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCCGAG 306

Qy        366 AAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAGGT 425
              |||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||| |||||||||||||||
Db        307 AAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAGTCCACCCCGCTCCACTTCGCCGCAGGT 366

Qy        426 TTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCACGT 485
              ||||| ||||| || |||||||||||| | |||||||| ||||||||||| ||||| |||
Db        367 TTTGGACGGAAGGATGTAGTTGAATATCTTCTTCAGAACGGTGCAAATGTGCAAGCGCGT 426

Qy        486 GATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTC 545
              ||||||||||| ||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db        427 GATGATGGGGGTCTTATTCCTCTTCATAACGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTC 486

Qy        546 AATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCT 605
              ||||| ||||| | ||| |||||| |||| |||||||| |||||||||||||||||||||
Db        487 AATCTTCTTTTACAACACGGTGCACACCCAAATGCTCGGGATAATTGGAATTATACTCCT 546

Qy        606 CTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGA 665
              |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||| ||||||||||||
Db        547 CTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAAATTGATGTTTGCATTGTGCTTTTACAGCATGGA 606

Qy        666 GCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCT 725
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||
Db        607 GCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGACCCATCT 666

Qy        726 GCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGT 785
              |||||||| || || |||||||| |||||| ||||||||||  | |||||||||||||||
Db        667 GCCAAAGCTGTTCTGACTGGTGACTATAAGGAAGATGAACTTCTGGAAAGTGCCAGGAGT 726

Qy        786 GGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGT 845
              |||||||| |||||||||||||| || || |||||||| |||||||||||||| ||||||
Db        727 GGCAATGAGGAAAAAATGATGGCCCTGCTTACACCATTGAATGTCAACTGCCATGCAAGT 786

Qy        846 GATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTA 905
              ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||| ||| ||||||||||| ||||||
Db        787 GATGGCAGAAAGTCAACTCCATTGCATTTGGCAGCAGAATACAACAGAGTAAAAATTGTA 846

Qy        906 CAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCA 965
              || ||||||||||| ||||| |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Db        847 CAACTGTTACTGCACCATGGGGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGGGATCTGGTACCA 906

Qy        966 TTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGT 1025
               ||||||||||||| ||||| |||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||
Db        907 CTACACAATGCCTGCTCTTACGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTCTGGTCAAGCACGGT 966
```

```
Qy        1026 GCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAG 1085
               |||||||| |||||||||||| ||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Db         967 GCCTGTGTGAATGCAATGGACCTGTGGCAGTTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAG 1026

Qy        1086 AACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAAT 1145
               |||||| |||||||||||||||| ||| ||||||| || ||||| ||||| ||||| ||
Db        1027 AACAGGATTGAAGTATGTTCTCTCCTCCTAAGTTACGGGGCAGATCCAACCCTGCTGAAC 1086

Qy        1146 TGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCA 1205
               |||||||||||||||||||||||| |||| |||||  ||||| | || ||||||||| |
Db        1087 TGTCACAATAAAAGTGCTATAGACCTGGCCCCCACGGCACAGCTGAAGGAAAGATTATCG 1146

Qy        1206 TATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATC 1265
               ||||||||||||||||| || ||||||||||||||||||||||||||||||||  |||||
Db        1147 TATGAATTTAAAGGCCATTCATTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACAAGAATC 1206

Qy        1266 AAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCA 1325
               ||||||||||| ||||||||||||||||||||||| |||||||| |||||||||||||||
Db        1207 AAAAAACATCTTTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAACATCCTCAGACACATGAAACAGCA 1266

Qy        1326 TTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTA 1385
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||| ||||
Db        1267 CTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAGATATGTGAACTGCTGCTC 1326

Qy        1386 AGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCA 1445
               ||||| |||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1327 AGAAAGGGAGCAAACACCAACGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCT 1386

Qy        1446 TCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAAT 1505
               |||||||| ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1387 TCTGAGAACGCTCACAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAAT 1446

Qy        1506 GCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAA 1565
               ||| |||||| |||||| ||||| ||  |||||||||||||| | |||||||| || ||
Db        1447 GCTTTGGATAGTCTTGGACAGACGTCATTACACAGAGCTGCACACTGTGGTCACCTGCAG 1506

Qy        1566 ACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTT 1625
               ||||||||||| ||||||||||||||||||||||| ||||| |||||||||||||| ||
Db        1507 ACCTGCCGCCTGCTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCAAACATCATATCCCTTCAGGGTTTC 1566

Qy        1626 ACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTA 1685
               || || || || ||||||||||||||||| ||||| || |||||||||||   |||| ||
Db        1567 ACCGCCTTGCAAATGGGAAATGAAAATGTGCAGCAGCTGCTCCAAGAGGGCGCCTCACTA 1626

Qy        1686 GGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACT 1745
               ||| | |||||||| ||||||||  |||||||||||||||||||||| || || ||||||
Db        1627 GGTCACTCAGAGGCGGACAGACAGCTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGTGACGTTGAAACT 1686

Qy        1746 GTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCT 1805
               ||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||
Db        1687 GTAAAAAAACTCTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGACGCCAGTCA 1746

Qy        1806 ACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAG 1865
               || ||||| || |||||||||||||| ||||||||||| ||||| ||||||||||| ||
Db        1747 ACCCCACTCCACTTTGCAGCTGGGTACAACAGAGTGTCTGTGGTAGAATATCTGCTGCAA 1806

Qy        1866 CATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGT 1925
               |||||||||||||| ||||||||||| |||||||| ||||||||||| ||||||||||||
Db        1807 CATGGAGCTGATGTTCATGCTAAAGACAAAGGAGGTCTTGTACCTTTACACAATGCATGT 1866

Qy        1926 TCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTA 1985
               ||||||||||| ||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||| |||||
Db        1867 TCTTATGGACACTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTCAAGCATGGAGCAGTAGTCAATGTC 1926

Qy        1986 GCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGC 2026
               ||||| || ||||| || ||||||||||||||||| |||||
Db        1927 GCTGACTTGTGGAAGTTCACACCTTTACATGAAGCTGCAGC 1967

RESULT 2
AK048860
LOCUS       AK048860                3417 bp    mRNA    linear   HTC 02-SEP-2005
DEFINITION  Mus musculus 0 day neonate cerebellum cDNA, RIKEN full-length
```

```
            enriched library, clone:C230076L23 product:tankyrase,
            TRF1-interacting ankyrin-related ADP-ribose polymerase, full insert
            sequence.
ACCESSION   AK048860
VERSION     AK048860.1  GI:26339607
KEYWORDS    HTC; CAP trapper.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia;
            Sciurognathi; Muroidea; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Carninci,P. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     High-efficiency full-length cDNA cloning
  JOURNAL   Meth. Enzymol. 303, 19-44 (1999)
   PUBMED   10349636
REFERENCE   2
  AUTHORS   Carninci,P., Shibata,Y., Hayatsu,N., Sugahara,Y., Shibata,K.,
            Itoh,M., Konno,H., Okazaki,Y., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Normalization and subtraction of cap-trapper-selected cDNAs to
            prepare full-length cDNA libraries for rapid discovery of new genes
  JOURNAL   Genome Res. 10 (10), 1617-1630 (2000)
   PUBMED   11042159
REFERENCE   3
  AUTHORS   Shibata,K., Itoh,M., Aizawa,K., Nagaoka,S., Sasaki,N., Carninci,P.,
            Konno,H., Akiyama,J., Nishi,K., Kitsunai,T., Tashiro,H., Itoh,M.,
            Sumi,N., Ishii,Y., Nakamura,S., Hazama,M., Nishine,T., Harada,A.,
            Yamamoto,R., Matsumoto,H., Sakaguchi,S., Ikegami,T., Kashiwagi,K.,
            Fujiwake,S., Inoue,K., Togawa,Y., Izawa,M., Ohara,E., Watahiki,M.,
            Yoneda,Y., Ishikawa,T., Ozawa,K., Tanaka,T., Matsuura,S., Kawai,J.,
            Okazaki,Y., Muramatsu,M., Inoue,Y., Kira,A. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     RIKEN integrated sequence analysis (RISA) system--384-format
            sequencing pipeline with 384 multicapillary sequencer
  JOURNAL   Genome Res. 10 (11), 1757-1771 (2000)
   PUBMED   11076861
REFERENCE   4
  AUTHORS   The RIKEN Genome Exploration Research Group Phase II Team and the
            FANTOM Consortium.
  TITLE     Functional annotation of a full-length mouse cDNA collection
  JOURNAL   Nature 409, 685-690 (2001)
REFERENCE   5
  AUTHORS   The FANTOM Consortium, the RIKEN Genome Exploration Research Group
            Phase I and II Team.
  TITLE     Analysis of the mouse transcriptome based on functional annotation
            of 60,770 full-length cDNAs
  JOURNAL   Nature 420, 563-573 (2002)
REFERENCE   6
  AUTHORS   RIKEN Genome Exploration Research Group, Genome Science Group
            (Genome Network Core Team) and the FANTOM Consortium.
  TITLE     Antisense Transcription in the Mammalian Transcriptome
  JOURNAL   Science 309, 1564-1566 (2005)
REFERENCE   7
  AUTHORS   The FANTOM Consortium, Riken Genome Exploration Research Group and
            Genome Science Group (Genome Network Project Core Group).
  TITLE     The Transcriptional Landscape of the Mammalian Genome
  JOURNAL   Science 309, 1559-1563 (2005)
REFERENCE   8  (bases 1 to 3417)
  AUTHORS   Adachi,J., Aizawa,K., Akimura,T., Arakawa,T., Bono,H., Carninci,P.,
            Fukuda,S., Furuno,M., Hanagaki,T., Hara,A., Hashizume,W.,
            Hayashida,K., Hayatsu,N., Hiramoto,K., Hiraoka,T., Hirozane,T.,
            Hori,F., Imotani,K., Ishii,Y., Itoh,M., Kagawa,I., Kasukawa,T.,
            Katoh,H., Kawai,J., Kojima,Y., Kondo,S., Konno,H., Kouda,M.,
            Koya,S., Kurihara,C., Matsuyama,T., Miyazaki,A., Murata,M.,
            Nakamura,M., Nishi,K., Nomura,K., Numazaki,R., Ohno,M., Ohsato,N.,
            Okazaki,Y., Saito,R., Saitoh,H., Sakai,C., Sakai,K., Sakazume,N.,
            Sano,H., Sasaki,D., Shibata,K., Shinagawa,A., Shiraki,T.,
            Sogabe,Y., Tagami,M., Tagawa,A., Takahashi,F., Takaku-Akahira,S.,
            Takeda,Y., Tanaka,T., Tomaru,A., Toya,T., Yasunishi,A.,
            Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (16-JUL-2001) Yoshihide Hayashizaki, The Institute of
            Physical and Chemical Research (RIKEN), Laboratory for Genome
            Exploration Research Group, RIKEN Genomic Sciences Center (GSC),
            RIKEN Yokohama Institute; 1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama,
            Kanagawa, 230-0045, Japan (E-mail:genome-res@gsc.riken.jp,
            URL:http://genome.gsc.riken.jp/, Tel:81-45-503-9222,
            Fax:81-45-503-9216)
COMMENT     cDNA library was prepared and sequenced in Mouse Genome
            Encyclopedia Project of Genome Exploration Research Group in Riken
            Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in RIKEN.
            Division of Experimental Animal Research in Riken contributed to
            prepare mouse tissues.
            Please visit our web site for further details.
            URL:http://genome.gsc.riken.jp/
            URL:http://fantom.gsc.riken.jp/.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..3417
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="FANTOM_DB:C230076L23"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="C230076L23"
                     /tissue_type="cerebellum"
                     /clone_lib="RIKEN full-length enriched mouse cDNA library"
                     /dev_stage="0 day neonate"
     CDS             423..3353
                     /note="unnamed protein product; putative
                     tankyrase, TRF1-interacting ankyrin-related ADP-ribose
                     polymerase (MGD|MGI:1341087 GB|AA415426, evidence: BLASTN,
                     99%, match=439)"
                     /codon_start=1
                     /protein_id="BAC33475.1"
                     /db_xref="GI:26339608"
                     /translation="MALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQHGADV
                     HAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSL
                     LLSHGADPTLVNCHGKSAVDMAPTPELRERLTYEFKGHSLLQAAREADLAKVKKTLAL
                     EIINFKQPQSHETALHCAVASLHPKRKQVAELLLRKGANVNEKNKDFMTPLHVAAERA
                     HNDVMEVLHKHGAKMNALDSLGQTALHRAALAGHLQTCRLLLSYGSDPSIISLQGFTA
                     AQMGNEAVQQILSESTPMRTSDVDYRLLEASKAGDLETVKQLCSPQNVNCRDLEGRHS
                     TPLHFAAGYNRVSVVEYLLHHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASV
                     NVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLKHGADPTKKNRDGNTPLDLVKEGDTDIQDLL
                     RGDAALLDAAKKGCLARVQKLCTPENINCRDTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEH
                     GADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDIAALLIKYNTCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQ
                     LCALLLAHGADPTMKNQEGQTPLDLATADDIRALLIDAMPPEALPTCFKPQATVVSAS
                     VISPASTPSCLSAASSIDNLTGPLTDLAVGGASNAGDGAAGAERKEGEVAGLDMNIIQ
                     FLKSLGLEHLRDIFETEQITLDVLADMGHEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQ
                     GTNPYLTFHCVNQGTILLDLAPEDKEYQSVEEEMQSTIREHRDGGNAGGIFNRYNVIR
                     IQKVVNKKLRERFCHRQKEVSEENHNHHNERMLFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGM
                     FGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPTHKDRSCYICHRQMLFCRVTLGKSFLQFST
                     MKMAHAPPGHHSVIGRPSVNGLAYAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMKPEAPSQTATAA
                     EQKT"
ORIGIN

  Query Match             42.2%;  Score 1609.8;  DB 6;  Length 3417;
  Best Local Similarity   72.4%;  Pred. No. 0;
  Matches 2126;  Conservative    0;  Mismatches  782;  Indels   27;  Gaps    2;

Qy          780 AGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCAC 839
                |||||||| ||||||||||||| | |||||| |||| || ||  ||||||| || |||||
Db          399 AGGAGTGGTAATGAAGAAAAACTAATGGCTTTACTGACTCCTCTAAATGTGAATTGCCAT 458

Qy          840 GCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAG 899
                ||||||||||||  ||||||| ||||| |||||  |||||||||| || ||||||||   |
Db          459 GCAAGTGATGGACGAAAGTCTACTCCGTTACACCTGGCAGCAGGCTACAACAGAGTTCGG 518

Qy          900 ATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTG 959
                || || |||||| | || ||  ||||| |||||||||||| || ||||| ||||||||  ||
Db          519 ATAGTTCAGCTGCTTCTACAGCATGGTGCTGATGTCCACGCGAAAGACAAAGGTGGACTT 578

Qy          960 GTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAG 1019
                |||||  | || ||||| || || || || |||||| ||||| || ||||||  || | |||
Db          579 GTACCTCTTCATAATGCATGCTCATACGGACACTATGAGGTCACAGAACTGCTGCTAAAG 638

Qy         1020 CATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCT 1079
                ||||| || ||||| || || |||||  ||||||| |||||| || || ||||| || |||
Db          639 CATGGAGCTTGTGTCAACGCTATGGATCTGTGGCAGTTCACACCGCTGCATGAAGCTGCT 698

Qy         1080 TCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTG 1139
                || |||||| |||| ||||| ||||||||  |  | ||| | ||||| || |||||  ||
Db          699 TCAAAGAACCGGGTAGAAGTCTGTTCTCTGTTACTTAGTCACGGTGCCGATCCAACCTTG 758

Qy         1140 CTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGA 1199
                 ||||||| ||    ||||||||| | ||| ||||||| || ||  || |    ||||||
Db          759 GTCAATTGCCATGGCAAAAGTGCTGTCGACATGGCTCCAACTCCTGAGCTCCGGGAAAGA 818

Qy         1200 TTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACT 1259
                 |  ||||||||||||||||||| || || || ||||| ||  ||||||| ||  |  |
Db          819 CTGACATATGAATTTAAAGGCCATTCTTTACTCCAAGCCGCCAGAGAAGCAGACCTGGCC 878

Qy         1260 CGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAA 1319
                  | | ||||||   ||  || ||||||| | || ||||||||| || ||  | ||||||
Db          879 AAAGTTAAAAAAACGCTTGCTTTGGAAATCATTAACTTCAAGCAGCCACAGTCTCATGAA 938

Qy         1320 ACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTG 1379
                || ||||||||| ||||||| || ||     |||||||| |||||||  |    || |||
Db          939 ACTGCATTGCACTGTGCTGTGGCCTCCTTGCATCCCAAACGAAAGCAGGTGGCAGAGCTG 998

Qy         1380 TTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCAC 1439
                || || || || ||||| ||| |||| |||||||  || || ||| |||| ||||||||
Db          999 TTACTGAGGAAGGGAGCCAACGTCAACGAAAAGAACAAGGATTTCATGACCCCTCTGCAT 1058

Qy         1440 GTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAG 1499
                || ||| |||| | |||||||||||||||  | |||||  ||   || || | |||||||
Db         1059 GTTGCAGCTGAAAGAGCTCATAATGATGTCATGGAAGTTCTGCATAAGCACGGAGCAAAG 1118

Qy         1500 GTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCAT 1559
                 | ||||| ||||||| |||||||||||||| || | |||||||||||| |     || ||
Db         1119 ATGAATGCACTGGATAGTCTTGGTCAGACTGCTTTGCACAGAGCTGCCTTAGCGGGCCAC 1178

Qy         1560 CTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAG 1619
                || || ||||||||||| || ||||| ||||| | |||||||  ||| || ||||| ||
Db         1179 CTGCAGACCTGCCGCCTCCTGCTGAGTTATGGCTCTGATCCTTCCATCATCTCCCTGCAA 1238

Qy         1620 GGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATC 1679
                ||||| || ||    |||||||| ||||||   || || ||  | ||    ||| |||
Db         1239 GGCTTCACGGCAGCGCAGATGGGGAATGAAGCAGTGCAACAGATTCTGAGCGAGAGTACT 1298

Qy         1680 TCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTC 1739
                 |  |  | | ||| || |  |||   |   |  | || ||  | || ||||| ||  |
Db         1299 CCTATGCGCACTTCGGACGTGGACTATCGTCTCTTAGAGGCATCGAAAGCTGGTGACTTG 1358

Qy         1740 GAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGT 1799
                |||||||| ||  |||| || |     |||| ||| |||||||||||| | || || ||
Db         1359 GAAACTGTGAAGCAACTCTGCAGCCCGCAGAATGTGAACTGCAGAGACCTGGAGGGCCGG 1418

Qy         1800 CAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTG 1859
                || ||||||||  | || || || || || |||||| | ||||| || || || || ||
Db         1419 CACTCTACACCCTTACACTTCGCTGCAGGCTATAACCGTGTGTCTGTCGTTGAGTACCTT 1478

Qy         1860 CTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAAT 1919
                ||||| |||||||||||||| ||||| ||||| ||||| ||| | || ||  | ||||||
Db         1479 CTACATCATGGAGCTGATGTCCATGCCAAAGACAAAGGTGGCTTGGTTCCCCTTCACAAT 1538

Qy         1920 GCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTT 1979
                || || || |||||||| ||||| || || || ||  | || |  || || ||   |||
Db         1539 GCCTGCTCCTATGGACACTATGAGGTCGCCGAGCTCTTGGTGAGGCACGGGGCTTCAGTC 1598

Qy         1980 AATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATAT 2039
                ||||| || ||  | |||||||||| || ||| | ||||||||| ||||| || ||||||||
Db         1599 AATGTGGCCGACCTGTGGAAATTCACCCCTCTCCATGAAGCGGCAGCCAAGGGAAAATAC 1658

Qy         2040 GAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGA 2099
                ||||| |||||||| || ||  | ||||| ||||| || || || || ||||| ||||||
Db         1659 GAAATCTGCAAACTCCTTCTAAAACATGGAGCAGATCCAACTAAGAAGAACAGAGATGGA 1718

Qy         2100 AATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGA 2159
                ||||| ||  | ||||| || ||||| ||||| || |||||||| || ||||| |||||
Db         1719 AATACACCCCTAGATCTGGTCAAAGAAGGAGACACGGATATTCAGGACCTGCTGAGGGGC 1778
```

```
Qy       2160 GATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCT 2219
              ||||| ||  || | |||||||||||||||||| ||  |||||||||| |||||| | | |
Db       1779 GATGCTGCCCTGTTGGATGCTGCCAAGAAGGGCTGCCTAGCCAGAGTGCAGAAGCTTTGT 1838

Qy       2220 TCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTA 2279
               |||| || ||| | || ||||| || |||||| |||||| ||||||| ||| | ||  |
Db       1839 ACTCCAGAGAATATCAACTGCCGAGACACCCAGGGCAGAAATTCAACCCCTCTCCACCTG 1898

Qy       2280 GCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTG 2339
              ||||| || || |||||  | ||||| || |||||  |  || | ||||| ||||||||
Db       1899 GCAGCAGGCTACAATAACCTGGAAGTAGCTGAGTACCTTCTAGAGCACGGGGCTGATGTC 1958

Qy       2340 AATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTA 2399
              |||||||| ||||||||||| || || ||  | || || || || |||||| ||||||||
Db       1959 AATGCCCAGGACAAAGGAGGGCTAATCCCACTTCACAACGCTGCGTCTTATGGGCATGTT 2018

Qy       2400 GATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCT 2459
              ||  |||||||  |||| |||||| || ||  | ||||| || || ||||| || |||||
Db       2019 GACATAGCAGCGTTACTGATAAAATACAACACGTGTGTAAACGCAACGGATAAGTGGGCC 2078

Qy       2460 TTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAAGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTA 2519
              || || ||  | |||||||| ||||| |||||| | || ||| | |||||  || | |||
Db       2079 TTTACTCCCCTTCACGAAGCTGCCCAGAAAGGAAGGACGCAGTTATGTGCCCTGCTCCTA 2138

Qy       2520 GCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTT 2579
              || ||||| || ||||| ||  | || || |||||||| || ||||||||||||| | |
Db       2139 GCACATGGCGCAGACCCAACCATGAAGAACCAGGAAGGTCAGACACCTTTAGATCTGGCG 2198

Qy       2580 TCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCT 2639
               | || ||||||  || | |||| |||||| ||  ||||||||||||    ||  | ||  |
Db       2199 ACGGCTGATGACATCCGGGCTCTGCTGATAGATGCCATGCCCCCTGAGGCCTTACCTACC 2258

Qy       2640 TGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTC 2699
              ||||  || ||||| |                     ||   |    |   |   || |
Db       2259.TGTTTTAAACCTCAGG---------------------CAACTGTAGTTAGTGCCTCTGTG 2297

Qy       2700 TCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCT 2759
                 |||    | || | ||| ||  |||| ||||| |||||||||  | || ||| |  ||
Db       2298 ATCTCACCAGCGTCCACCCCCTCCTGCCTCTCTGCTGCCAGCAGCATAGATAACCTCACT 2357

Qy       2760 GGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGT 2819
              ||    ||  | || ||| ||  || ||     || | || |   || || ||| |  ||
Db       2358 GGCCCGTTAACGGATCTGGCTGTAGGAGGGGCCTCCAATGCAGGGGATGGCGCTGCGGGT 2417

Qy       2820 TTGGAGAAAAAGGAG------GTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGG 2873
                 || |  |||||       ||| | ||  | ||  | | |||  || | ||| | | |
Db       2418 GCAGAAAGGAAGGAAGGAGAAGTTGCGGGTCTTGACATGAACATCATCCAGTTCCTTAAG 2477

Qy       2874 AATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTA 2933
              |  ||||| ||||||||||| | ||| || ||||| | ||| ||||| ||  | |||||
Db       2478 AGCCTTGGCCTTGAGCACCTGAGGGACATTTTTGAAACAGAGCAGATTACGCTAGATGTG 2537

Qy       2934 TTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGG 2993
              || | ||| ||||| ||  | ||  |||| || || || ||||||| ||||||||  |
Db       2538 TTGGCTGATATGGGTCATGAAGAATTGAAAGAAATAGGCATCAATGCATATGGACACCGC 2597

Qy       2994 CACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATAT 3053
              |||||  | || || |  || || ||||||| |    |||||||||||    || ||||||
Db       2598 CACAAGTTGATCAAGGGTGTTGAAAGACTTTTAGGTGGACAACAAGGAACCAATCCATAT 2657

Qy       3054 TTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAA 3113
              || |||||  ||        |   ||||| ||| |  |||||||  |||| || ||||||
Db       2658 TTGACTTTTCACTGTGTGAATCAGGGAACTATTTTGCTAGATCTTGCTCCAGAAGATAAA 2717

Qy       3114 GAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGT 3173
              || | ||| || || || || ||||||||| || ||  ||||||||||||||| || ||
Db       2718 GAATATCAATCAGTAGAAGAAGAGATGCAGAGCACTATTCGAGAGCACAGAGACGGTGGG 2777

Qy       3174 CATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAG 3233
               | || || || |||||||||||||||||| |  |    |||||||| |||   || |||
Db       2778 AACGCTGGCGGCATCTTCAACAGATACAACGTCATTCGAATTCAGAAAGTTGTGAATAAG 2837

Qy       3234 AAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCAT 3293
              || ||  ||||  ||| |   ||| |   ||| || || ||||| || ||||||||||||
Db       2838 AAGCTGAGGGAGCGATTCTGCCACAGACAAAAGGAGGTGTCTGAGGAGAACCACAACCAT 2897

Qy       3294 GCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGC 3353
                |||||| || ||||| || || || |||||||  | |||||||||||| || |||||
Db       2898 CACAATGAGCGCATGCTGTTCCACGGTTCTCCTTTCATTAATGCAATTATTCATAAAGGG 2957

Qy       3354 TTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAA 3413
              ||||||||  | |||||||||||| || || |||||||||||||| |||||  |||||||||
Db       2958 TTTGATGAGCGACATGCGTACATTGGAGGGATGTTTGGAGCTGGAATTTACTTTGCTGAA 3017

Qy       3414 AACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTT 3473
              ||||| || ||||||||||| ||||| |||||||||||||||||| || || |||||
Db       3018 AACTCCTCAAAAAGCAATCAGTATGTTTATGGAATTGGAGGAGGAACAGGCTGTCCCACA 3077

Qy       3474 CACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTG 3533
              |||||||||||||| ||||| || || ||||| ||  ||| | || ||  | || ||| |
Db       3078 CACAAAGACAGATCATGTTATATATGTCACAGACAAATGCTTTTCTGTAGAGTGACCCTT 3137

Qy       3534 GGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCAC 3593
              |||||||| ||||||||| |||||  | ||||||||||| ||| | || ||| ||||||
Db       3138 GGAAAGTCCTTCCTGCAATTCAGCACCATGAAAATGGCCCATGCACCCCCAGGCCATCAC 3197

Qy       3594 TCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGA 3653
              |||||||  ||||| || ||||| ||||| || ||||  |||||||||||| || ||||||
Db       3198 TCAGTCATCGGTAGACCAAGTGTCAATGGGCTGGCATATGCTGAATATGTCATCTACAGA 3257

Qy       3654 GGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAG 3708
              || ||||||||| ||||| || ||| | || || ||||||| |||| ||| ||||
Db       3258 GGGGAACAGGCATATCCAGAATATCTCATCACCTACCAGATCATGAAGCCAGAAG 3312

RESULT 3
AK149368
LOCUS       AK149368                2226 bp    mRNA    linear   HTC 21-SEP-2005
DEFINITION  Mus musculus adult male liver tumor cDNA, RIKEN full-length
            enriched library, clone:C730001F05 product:Tankyrase 2 (EC
            2.4.2.30) (TANK2) (Tankyrase II) (TNKS-2) (TRF1- interacting
            ankyrin-related ADP-ribose polymerase 2) (Tankyrase-like protein)
            (Tankyrase-related protein) homolog [Homo sapiens], full insert
            sequence.
ACCESSION   AK149368
VERSION     AK149368.1  GI:74143548
KEYWORDS    HTC; CAP trapper.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia;
            Sciurognathi; Muroidea; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Carninci,P. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     High-efficiency full-length cDNA cloning
  JOURNAL   Meth. Enzymol. 303, 19-44 (1999)
   PUBMED   10349636
REFERENCE   2
  AUTHORS   Carninci,P., Shibata,Y., Hayatsu,N., Sugahara,Y., Shibata,K.,
            Itoh,M., Konno,H., Okazaki,Y., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Normalization and subtraction of cap-trapper-selected cDNAs to
            prepare full-length cDNA libraries for rapid discovery of new genes
  JOURNAL   Genome Res. 10 (10), 1617-1630 (2000)
   PUBMED   11042159
REFERENCE   3
  AUTHORS   Shibata,K., Itoh,M., Aizawa,K., Nagaoka,S., Sasaki,N., Carninci,P.,
            Konno,H., Akiyama,J., Nishi,K., Kitsunai,T., Tashiro,H., Itoh,M.,
            Sumi,N., Ishii,Y., Nakamura,S., Hazama,M., Nishine,T., Harada,A.,
            Yamamoto,R., Matsumoto,H., Sakaguchi,S., Ikegami,T., Kashiwagi,K.,
            Fujiwake,S., Inoue,K., Togawa,Y., Izawa,M., Ohara,E., Watahiki,M.,
            Yoneda,Y., Ishikawa,T., Ozawa,K., Tanaka,T., Matsuura,S., Kawai,J.,
            Okazaki,Y., Muramatsu,M., Inoue,Y., Kira,A. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     RIKEN integrated sequence analysis (RISA) system--384-format
            sequencing pipeline with 384 multicapillary sequencer
  JOURNAL   Genome Res. 10 (11), 1757-1771 (2000)
  PUBMED   11076861
REFERENCE  4
  AUTHORS  Kawai,J., Shinagawa,A., Shibata,K., Yoshino,M., Itoh,M., Ishii,Y.,
           Arakawa,T., Hara,A., Fukunishi,Y., Konno,H., Adachi,J., Fukuda,S.,
           Aizawa,K., Izawa,M., Nishi,K., Kiyosawa,H., Kondo,S., Yamanaka,I.,
           Saito,T., Okazaki,Y., Gojobori,T., Bono,H., Kasukawa,T., Saito,R.,
           Kadota,K., Matsuda,H., Ashburner,M., Batalov,S., Casavant,T.,
           Fleischmann,W., Gaasterland,T., Gissi,C., King,B., Kochiwa,H.,
           Kuehl,P., Lewis,S., Matsuo,Y., Nikaido,I., Pesole,G.,
           Quackenbush,J., Schriml,L.M., Staubli,F., Suzuki,R., Tomita,M.,
           Wagner,L., Washio,T., Sakai,K., Okido,T., Furuno,M., Aono,H.,
           Baldarelli,R., Barsh,G., Blake,J., Boffelli,D., Bojunga,N.,
           Carninci,P., de Bonaldo,M.F., Brownstein,M.J., Bult,C.,
           Fletcher,C., Fujita,M., Gariboldi,M., Gustincich,S., Hill,D.,
           Hofmann,M., Hume,D.A., Kamiya,M., Lee,N.H., Lyons,P.,
           Marchionni,L., Mashima,J., Mazzarelli,J., Mombaerts,P., Nordone,P.,
           Ring,B., Ringwald,M., Rodriguez,I., Sakamoto,N., Sasaki,H.,
           Sato,K., Schonbach,C., Seya,T., Shibata,Y., Storch,K.F., Suzuki,H.,
           Toyo-oka,K., Wang,K.H., Weitz,C., Whittaker,C., Wilming,L.,
           Wynshaw-Boris,A., Yoshida,K., Hasegawa,Y., Kawaji,H., Kohtsuki,S.
           and Hayashizaki,Y.
  CONSRTM  RIKEN Genome Exploration Research Group Phase II Team and the
           FANTOM Consortium
  TITLE    Functional annotation of a full-length mouse cDNA collection
  JOURNAL  Nature 409 (6821), 685-690 (2001)
  PUBMED   11217851
REFERENCE  5
  AUTHORS  Okazaki,Y., Furuno,M., Kasukawa,T., Adachi,J., Bono,H., Kondo,S.,
           Nikaido,I., Osato,N., Saito,R., Suzuki,H., Yamanaka,I.,
           Kiyosawa,H., Yagi,K., Tomaru,Y., Hasegawa,Y., Nogami,A.,
           Schonbach,C., Gojobori,T., Baldarelli,R., Hill,D.P., Bult,C.,
           Hume,D.A., Quackenbush,J., Schriml,L.M., Kanapin,A., Matsuda,H.,
           Batalov,S., Beisel,K.W., Blake,J.A., Bradt,D., Brusic,V.,
           Chothia,C., Corbani,L.E., Cousins,S., Dalla,E., Dragani,T.A.,
           Fletcher,C.F., Forrest,A., Frazer,K.S., Gaasterland,T.,
           Gariboldi,M., Gissi,C., Godzik,A., Gough,J., Grimmond,S.,
           Gustincich,S., Hirokawa,N., Jackson,I.J., Jarvis,E.D., Kanai,A.,
           Kawaji,H., Kawasawa,Y., Kedzierski,R.M., King,B.L., Konagaya,A.,
           Kurochkin,I.V., Lee,Y., Lenhard,B., Lyons,P.A., Maglott,D.R.,
           Maltais,L., Marchionni,L., McKenzie,L., Miki,H., Nagashima,T.,
           Numata,K., Okido,T., Pavan,W.J., Pertea,G., Pesole,G.,
           Petrovsky,N., Pillai,R., Pontius,J.U., Qi,D., Ramachandran,S.,
           Ravasi,T., Reed,J.C., Reed,D.J., Reid,J., Ring,B.Z., Ringwald,M.,
           Sandelin,A., Schneider,C., Semple,C.A., Setou,M., Shimada,K.,
           Sultana,R., Takenaka,Y., Taylor,M.S., Teasdale,R.D., Tomita,M.,
           Verardo,R., Wagner,L., Wahlestedt,C., Wang,Y., Watanabe,Y.,
           Wells,C., Wilming,L.G., Wynshaw-Boris,A., Yanagisawa,M., Yang,I.,
           Yang,L., Yuan,Z., Zavolan,M., Zhu,Y., Zimmer,A., Carninci,P.,
           Hayatsu,N., Hirozane-Kishikawa,T., Konno,H., Nakamura,M.,
           Sakazume,N., Sato,K., Shiraki,T., Waki,K., Kawai,J., Aizawa,K.,
           Arakawa,T., Fukuda,S., Hara,A., Hashizume,W., Imotani,K., Ishii,Y.,
           Itoh,M., Kagawa,I., Miyazaki,A., Sakai,K., Sasaki,D., Shibata,K.,
           Shinagawa,A., Yasunishi,A., Yoshino,M., Waterston,R., Lander,E.S.,
           Rogers,J., Birney,E. and Hayashizaki,Y.
  CONSRTM  FANTOM Consortium
  TITLE    Analysis of the mouse transcriptome based on functional annotation
           of 60,770 full-length cDNAs
  JOURNAL  Nature 420 (6915), 563-573 (2002)
  PUBMED   12466851
REFERENCE  6
  AUTHORS  Carninci,P., Kasukawa,T., Katayama,S., Gough,J., Frith,M.C.,
           Maeda,N., Oyama,R., Ravasi,T., Lenhard,B., Wells,C., Kodzius,R.,
           Shimokawa,K., Bajic,V.B., Brenner,S.E., Batalov,S., Forrest,A.R.,
           Zavolan,M., Davis,M.J., Wilming,L.G., Aidinis,V., Allen,J.E.,
           Ambesi-Impiombato,A., Apweiler,R., Aturaliya,R.N., Bailey,T.L.,
           Bansal,M., Baxter,L., Beisel,K.W., Bersano,T., Bono,H., Chalk,A.M.,
           Chiu,K.P., Choudhary,V., Christoffels,A., Clutterbuck,D.R.,
           Crowe,M.L., Dalla,E., Dalrymple,B.P., de Bono,B., Della Gatta,G.,
           di Bernardo,D., Down,T., Engstrom,P., Fagiolini,M., Faulkner,G.,
           Fletcher,C.F., Fukushima,T., Furuno,M., Futaki,S., Gariboldi,M.,
           Georgii-Hemming,P., Gingeras,T.R., Gojobori,T., Green,R.E.,
           Gustincich,S., Harbers,M., Hayashi,Y., Hensch,T.K., Hirokawa,N.,
           Hill,D., Huminiecki,L., Iacono,M., Ikeo,K., Iwama,A., Ishikawa,T.,
           Jakt,M., Kanapin,A., Katoh,M., Kawasawa,Y., Kelso,J., Kitamura,H.,
           Kitano,H., Kollias,G., Krishnan,S.P., Kruger,A., Kummerfeld,S.K.,
           Kurochkin,I.V., Lareau,L.F., Lazarevic,D., Lipovich,L., Liu,J.,
           Liuni,S., McWilliam,S., Madan Babu,M., Madera,M., Marchionni,L.,
           Matsuda,H., Matsuzawa,S., Miki,H., Mignone,F., Miyake,S.,
           Morris,K., Mottagui-Tabar,S., Mulder,N., Nakano,N., Nakauchi,H.,
           Ng,P., Nilsson,R., Nishiguchi,S., Nishikawa,S., Nori,F., Ohara,O.,
           Okazaki,Y., Orlando,V., Pang,K.C., Pavan,W.J., Pavesi,G.,
           Pesole,G., Petrovsky,N., Piazza,S., Reed,J., Reid,J.F., Ring,B.Z.,
           Ringwald,M., Rost,B., Ruan,Y., Salzberg,S.L., Sandelin,A.,
           Schneider,C., Schonbach,C., Sekiguchi,K., Semple,C.A., Seno,S.,
           Sessa,L., Sheng,Y., Shibata,Y., Shimada,H., Shimada,K., Silva,D.,
           Sinclair,B., Sperling,S., Stupka,E., Sugiura,K., Sultana,R.,
           Takenaka,Y., Taki,K., Tammoja,K., Tan,S.L., Tang,S., Taylor,M.S.,
           Tegner,J., Teichmann,S.A., Ueda,H.R., van Nimwegen,E., Verardo,R.,
           Wei,C.L., Yagi,K., Yamanishi,H., Zabarovsky,E., Zhu,S., Zimmer,A.,
           Hide,W., Bult,C., Grimmond,S.M., Teasdale,R.D., Liu,E.T.,
           Brusic,V., Quackenbush,J., Wahlestedt,C., Mattick,J.S., Hume,D.A.,
           Kai,C., Sasaki,D., Tomaru,Y., Fukuda,S., Kanamori-Katayama,M.,
           Suzuki,M., Aoki,J., Arakawa,T., Iida,J., Imamura,K., Itoh,M.,
           Kato,T., Kawaji,H., Kawagashira,N., Kawashima,T., Kojima,M.,
           Kondo,S., Konno,H., Nakano,K., Ninomiya,N., Nishio,T., Okada,M.,
           Plessy,C., Shibata,K., Shiraki,T., Suzuki,S., Tagami,M., Waki,K.,
           Watahiki,A., Okamura-Oho,Y., Suzuki,H., Kawai,J. and Hayashizaki,Y.
  CONSRTM  FANTOM Consortium
  TITLE    The transcriptional landscape of the mammalian genome
  JOURNAL  Science 309 (5740), 1559-1563 (2005)
  PUBMED   16141072
REFERENCE  7
  AUTHORS  Katayama,S., Tomaru,Y., Kasukawa,T., Waki,K., Nakanishi,M.,
           Nakamura,M., Nishida,H., Yap,C.C., Suzuki,M., Kawai,J., Suzuki,H.,
           Carninci,P., Hayashizaki,Y., Wells,C., Frith,M., Ravasi,T.,
           Pang,K.C., Hallinan,J., Mattick,J., Hume,D.A., Lipovich,L.,
           Batalov,S., Engstrom,P.G., Mizuno,Y., Faghihi,M.A., Sandelin,A.,
           Chalk,A.M., Mottagui-Tabar,S., Liang,Z., Lenhard,B. and
           Wahlestedt,C.
  CONSRTM  RIKEN Genome Exploration Research Group
  TITLE    Antisense transcription in the mammalian transcriptome
  JOURNAL  Science 309 (5740), 1564-1566 (2005)
  PUBMED   16141073
REFERENCE  8  (bases 1 to 2226)
  AUTHORS  Arakawa,T., Carninci,P., Fukuda,S., Hashizume,W., Hayashida,K.,
           Hori,F., Iida,J., Imamura,K., Imotani,K., Itoh,M., Kanagawa,S.,
           Kawai,J., Kojima,M., Konno,H., Murata,M., Nakamura,M., Ninomiya,N.,
           Nishiyori,H., Nomura,K., Ohno,M., Sakazume,N., Sano,H., Sasaki,D.,
           Shibata,K., Shiraki,T., Tagami,M., Tagami,Y., Waki,K., Watahiki,A.,
           Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE    Direct Submission
  JOURNAL  Submitted (30-MAR-2004) Yoshihide Hayashizaki, The Institute of
           Physical and Chemical Research (RIKEN), Laboratory for Genome
           Exploration Research Group, RIKEN Genomic Sciences Center (GSC),
           RIKEN Yokohama Institute; 1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama,
           Kanagawa, 230-0045, Japan (E-mail:genome-res@gsc.riken.jp,
           URL:http://genome.gsc.riken.jp/, Tel:81-45-503-9222,
           Fax:81-45-503-9216)
COMMENT    cDNA library was prepared and sequenced in Mouse Genome
           Encyclopedia Project of Genome Exploration Research Group in Riken
           Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in RIKEN.
           Division of Experimental Animal Research in Riken contributed to
           prepare mouse tissues.
           Please visit our web site for further details.
           URL:http://genome.gsc.riken.jp/
           URL:http://fantom.gsc.riken.jp/.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .2226
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="FANTOM_DB:C730001F05"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="C730001F05"
                     /sex="male"
                     /cell_type="tumor"
                     /tissue_type="liver"
                     /clone_lib="RIKEN full-length enriched mouse cDNA library"
                     /dev_stage="adult"
     CDS             <1. .1772
                     /note="unnamed protein product; Tankyrase 2 (EC 2.4.2.30)
                     (TANK2) (Tankyrase II) (TNKS-2) (TRF1- interacting
                     ankyrin-related ADP-ribose polymerase 2) (Tankyrase-like
                     protein) (Tankyrase-related protein) homolog [Homo
                     sapiens] (UniProt|Q9H2K2, evidence: FASTY, 96.8%ID,
                     50.5%length, match=1767)
                     putative
                     start codon is not identified"
                     /codon_start=3
                     /protein_id="BAE28838.1"
                     /db_xref="GI:74143549"
                     /translation="LVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKK

  Query Match             38.8%;  Score 1481.8;  DB 6;  Length 2226;
  Best Local Similarity   89.7%;  Pred. No. 0;
  Matches 1591;  Conservative    0;  Mismatches  182;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1954 TTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTAC 2013
              ||||||| || |||||||||||||| ||||| ||||| || ||||| || ||||||||||
Db          1 TTCTTGTCAAGCATGGAGCAGTAGTCAATGTCGCTGACTTGTGGAAGTTCACACCTTTAC 60

Qy       2014 ATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAG 2073
              ||||||| ||||||||||||||||||||||| ||||||||||| ||||||||||||||||
Db         61 ATGAAGCTGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATATGCAAACTTCTACTCCAGCATGGTGCAG 120

Qy       2074 ACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATA 2133
              ||||||| || |||||||| ||||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Db        121 ACCCTACAAAGAAAAACAGAGATGGTAATACTCCTCTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATA 180

Qy       2134 CAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTT 2193
              |||||||||||||||| ||||| || |||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db        181 CAGATATTCAAGATCTACTTAGAGGTGATGCAGCTTTGCTGGATGCTGCCAAGAAGGGTT 240

Qy       2194 GTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAG 2253
              ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Db        241 GTTTAGCCAGAGTGAAGAAATTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGTGATACCCAAG 300

Qy       2254 GCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGT 2313
              |  | ||||| |||||||||||||| ||||||||||||||||| || |||||||| ||||
Db        301 GTCGGCATTCTACACCTTTACATTTGGCAGCTGGTTATAATAACTTGGAAGTTGCTGAGT 360

Qy       2314 ATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTAC 2373
              |||| || ||||| |||||||||||||||||||| |||||||||||||| ||||||||||
Db        361 ATTTATTGCAACATGGAGCTGATGTGAATGCCCAGGACAAAGGAGGACTCATTCCTTTAC 420

Qy       2374 ATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCAT 2433
              |||| |||||||| || || |||||||||||||||||| | || |||||||| ||||| |
Db        421 ATAACGCAGCATCGTATGGACATGTAGATGTAGCAGCTTTGCTGATAAAGTACAATGCGT 480

Qy       2434 GTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGAC 2493
              |||||||||||||||||||||||||||||||||| || || |||||||||||||||||||
Db        481 GTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCGTTACATGAAGCAGCCCAAAAGGGAC 540

Qy       2494 GAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGG 2553
              | ||||||||||||||||| ||| | |||||||||||||| || |||||||||||||| |
Db        541 GGACACAGCTTTGTGCTTTATTGTTGGCCCATGGAGCTGATCCTACTCTTAAAAATCAAG 600

Qy       2554 AAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAG 2613
              ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||| || ||  |||||||||
Db        601 AAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCAGATGATGTCAGTGCACTCTTGACAGCAG 660

Qy       2614 CCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAA 2673
              |||||||||| |||||||||||  | || |||||  |||||||||||| ||| |||||
Db        661 CCATGCCCCCCTCTGCTCTGCCTACGTGCTACAAAACTCAAGTGCTCAGTGGCGTGAGGG 720

Qy       2674 GCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTG 2733
              |||| |||||||||||||||||||| ||||||||||| || |||||||| ||||| ||||
Db        721 GCCCCGGAGCCACTGCAGATGCTCTGTCTTCAGGTCCGTCCAGCCCATCCAGCCTCTCTG 780

Qy       2734 CAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTT 2793
              |||||||||| || |||||||||||||| || || || ||||||||  |||| |||||||
Db        781 CAGCCAGCAGCCTCGACAACTTATCTGGCAGCTTCTCGGAACTGTCCGCAGTGGTTAGTT 840

Qy       2794 CAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTA 2853
              |||||| | |||| |||||| |  ||||| | | ||| |||| | ||||| | |||||||
Db        841 CAAGTGCAGCAGAAGGTGCTACTGGTTTGCAAAGAAAAGAGGATTCAGGAATCGATTTTA 900

Qy       2854 GCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAG 2913
              | |||||||| ||| ||||||| ||||||||||||||| | |||||||||||||||||||
Db        901 GTATAACTCAGTTCATAAGGAACCTTGGACTTGAGCACTTGATGGATATATTTGAGAGAG 960

Qy       2914 AACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAA 2973
              ||||||| || || |||||  ||||||| ||||| |||||||| ||||| ||||||||||
Db        961 AACAGATTACCTTAGATGTCCTAGTTGAAATGGGCCACAAGGAACTGAAAGAGATTGGAA 1020

Qy       2974 TCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGAC 3033
              ||||||| ||||||||| | ||||| || ||||||||||| || || || ||||| ||||
Db       1021 TCAATGCCTATGGACATCGACACAAGCTGATTAAAGGAGTTGAAAGGCTGATCTCTGGAC 1080

Qy       3034 AACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAG 3093
              ||||||||||||| |||||||||||| | |||| ||||||||||||||||||||| ||||
Db       1081 AACAAGGTCTTAATCCATATTTAACTCTAAACAACTCTGGTAGTGGAACAATTCTCATAG 1140

Qy       3094 ATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTC 3153
              |||||||||||||||||||||| |||||||||||||| ||||||||||| ||||| || |
Db       1141 ATCTGTCTCCTGATGATAAAGAATTTCAGTCTGTGGAAGAAGAGATGCAGAGTACTGTGC 1200

Qy       3154 GAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGA 3213
              | |||||||||||||| ||||| ||||| ||  |||||||||||||||| ||||||||||
Db       1201 GGGAGCACAGAGATGGTGGTCACGCAGGCGGCGTCTTCAACAGATACAACATTCTCAAGA 1260

Qy       3214 TTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTT 3273
              ||||||||||||||||||||||| | ||||||||||| || |||||||||||||||||||
Db       1261 TTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAATTGTGGGAAAGATATACACACCGGAGAAAAGAAGTTT 1320

Qy       3274 CTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGA 3333
              |||||||||||||||||||||| || ||| | ||| ||||||||||||||||||||||||
Db       1321 CTGAAGAAAACCACAACCATGCAAACGAAAGGATGTTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGA 1380

Qy       3334 ATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAG 3393
              |||| |||||||| || |||||||||||||||||||| ||||||||||| ||||||||||
Db       1381 ATGCGATTATCCATAAGGGCTTTGATGAAAGGCATGCATACATAGGTGGCATGTTTGGAG 1440

Qy       3394 CTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAG 3453
              |||| |||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db       1441 CTGGAATTTATTTTGCTGAGAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTGTATGGAATTGGAG 1500

Qy       3454 GAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGC 3513
              | || || || |||||| |||||||||||||||| ||||||||||| |||||||||||||
Db       1501 GTGGCACCGGATGTCCAATTCACAAAGACAGATCGTGTTACATTTGTCACAGGCAGCTGC 1560

Qy       3514 TCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCAC 3573
              | ||||| || ||||||||||||||||||||| |||||||||| ||||||||||||||||
Db       1561 TGTTTTGTCGAGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCTTGCAGTTCAGCGCAATGAAAATGGCAC 1620

Qy       3574 ATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAG 3633
              |||||||||| || |||||||| ||||||||  |||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 ATTCTCCTCCCGGCCATCACTCGGTCACTGGCCGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAG 1680

Qy       3634 CTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGA 3693
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||||||
Db       1681 CTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAATATCTAATTACTTACCAGA 1740

Qy       3694 TTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAA 3726
              || | ||||||||||||||||| ||||| | ||
Db       1741 TTGTAAGGCCTGAAGGTATGGTTGATGGCTGAA 1773


RESULT 4
AK080913
LOCUS       AK080913                3194 bp    mRNA    linear   HTC 02-SEP-2005
DEFINITION  Mus musculus 4 days neonate male adipose cDNA, RIKEN full-length
```

```
            enriched library, clone:B430206N15 product:TRF1-INTERACTING
            ANKYRIN-RELATED ADP-RIBOSE POLYMERASE homolog [Homo sapiens], full
            insert sequence.
ACCESSION   AK080913
VERSION     AK080913.1  GI:26099551
KEYWORDS    HTC; CAP trapper.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia;
            Sciurognathi; Muroidea; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Carninci,P. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     High-efficiency full-length cDNA cloning
  JOURNAL   Meth. Enzymol. 303, 19-44 (1999)
   PUBMED   10349636
REFERENCE   2
  AUTHORS   Carninci,P., Shibata,Y., Hayatsu,N., Sugahara,Y., Shibata,K.,
            Itoh,M., Konno,H., Okazaki,Y., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Normalization and subtraction of cap-trapper-selected cDNAs to
            prepare full-length cDNA libraries for rapid discovery of new genes
  JOURNAL   Genome Res. 10 (10), 1617-1630 (2000)
   PUBMED   11042159
REFERENCE   3
  AUTHORS   Shibata,K., Itoh,M., Aizawa,K., Nagaoka,S., Sasaki,N., Carninci,P.,
            Konno,H., Akiyama,J., Nishi,K., Kitsunai,T., Tashiro,H., Itoh,M.,
            Sumi,N., Ishii,Y., Nakamura,S., Hazama,M., Nishine,T., Harada,A.,
            Yamamoto,R., Matsumoto,H., Sakaguchi,S., Ikegami,T., Kashiwagi,K.,
            Fujiwake,S., Inoue,K., Togawa,Y., Izawa,M., Ohara,E., Watahiki,M.,
            Yoneda,Y., Ishikawa,T., Ozawa,K., Tanaka,T., Matsuura,S., Kawai,J.,
            Okazaki,Y., Muramatsu,M., Inoue,Y., Kira,A. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     RIKEN integrated sequence analysis (RISA) system--384-format
            sequencing pipeline with 384 multicapillary sequencer
  JOURNAL   Genome Res. 10 (11), 1757-1771 (2000)
   PUBMED   11076861
REFERENCE   4
  AUTHORS   The RIKEN Genome Exploration Research Group Phase II Team and the
            FANTOM Consortium.
  TITLE     Functional annotation of a full-length mouse cDNA collection
  JOURNAL   Nature 409, 685-690 (2001)
REFERENCE   5
  AUTHORS   The FANTOM Consortium, the RIKEN Genome Exploration Research Group
            Phase I and II Team.
  TITLE     Analysis of the mouse transcriptome based on functional annotation
            of 60,770 full-length cDNAs
  JOURNAL   Nature 420, 563-573 (2002)
REFERENCE   6
  AUTHORS   RIKEN Genome Exploration Research Group, Genome Science Group
            (Genome Network Core Team) and the FANTOM Consortium.
  TITLE     Antisense Transcription in the Mammalian Transcriptome
  JOURNAL   Science 309, 1564-1566 (2005)
REFERENCE   7
  AUTHORS   The FANTOM Consortium, Riken Genome Exploration Research Group and
            Genome Science Group (Genome Network Project Core Group).
  TITLE     The Transcriptional Landscape of the Mammalian Genome
  JOURNAL   Science 309, 1559-1563 (2005)
REFERENCE   8  (bases 1 to 3194)
  AUTHORS   Adachi,J., Aizawa,K., Akimura,T., Arakawa,T., Bono,H., Carninci,P.,
            Fukuda,S., Furuno,M., Hanagaki,T., Hara,A., Hashizume,W.,
            Hayashida,K., Hayatsu,N., Hiramoto,K., Hiraoka,T., Hirozane,T.,
            Hori,F., Imotani,K., Ishii,Y., Itoh,M., Kagawa,I., Kasukawa,T.,
            Katoh,H., Kawai,J., Kojima,Y., Kondo,S., Konno,H., Kouda,M.,
            Koya,S., Kurihara,C., Matsuyama,T., Miyazaki,A., Murata,M.,
            Nakamura,M., Nishi,K., Nomura,K., Numazaki,R., Ohno,M., Ohsato,N.,
            Okazaki,Y., Saito,R., Saitoh,H., Sakai,C., Sakai,K., Sakazume,N.,
            Sano,H., Sasaki,D., Shibata,K., Shinagawa,A., Shiraki,T.,
            Sogabe,Y., Tagami,M., Tagawa,A., Takahashi,F., Takaku-Akahira,S.,
            Takeda,Y., Tanaka,T., Tomaru,A., Toya,T., Yasunishi,A.,
            Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (16-APR-2002) Yoshihide Hayashizaki, The Institute of
            Physical and Chemical Research (RIKEN), Laboratory for Genome
            Exploration Research Group, RIKEN Genomic Sciences Center (GSC),
            RIKEN Yokohama Institute; 1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama,
            Kanagawa, 230-0045, Japan (E-mail:genome-res@gsc.riken.jp,
            URL:http://genome.gsc.riken.jp/, Tel:81-45-503-9222,
            Fax:81-45-503-9216)
COMMENT     cDNA library was prepared and sequenced in Mouse Genome
            Encyclopedia Project of Genome Exploration Research Group in Riken
            Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in RIKEN.
            Division of Experimental Animal Research in Riken contributed to
            prepare mouse tissues.
            Please visit our web site for further details.
            URL:http://genome.gsc.riken.jp/
            URL:http://fantom.gsc.riken.jp/.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..3194
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="FANTOM_DB:B430206N15"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="B430206N15"
                     /sex="male"
                     /tissue_type="adipose"
                     /clone_lib="RIKEN full-length enriched mouse cDNA library"
                     /dev_stage="4 days neonate"
     misc_feature    1..3194
                     /note="TRF1-INTERACTING ANKYRIN-RELATED ADP-RIBOSE
                     POLYMERASE homolog [Homo sapiens] (SPTR|O95271, evidence:
                     FASTY, 95.9%ID, 80%length, match=3167)
                     putative"
ORIGIN

  Query Match             37.6%;  Score 1436.2;  DB 6;  Length 3194;
  Best Local Similarity   71.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 1934;  Conservative    0;  Mismatches  733;  Indels   28;  Gaps    3;

Qy        263 CGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCG 322
              | ||  | | | || |   |||||     ||||   || |||||| ||||||| || ||
Db        519 CTCGGCCCCGGGGGTCCCAGCCGTGAGTGGGGCCCTGCGGGAGCTGCTCGAGGCCTGTCG 578

Qy        323 CAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGA 382
               || |||||||||   || || |||||| |||||    | | ||| ||||||   |   ||
Db        579 GAATGGGGACGTGTCCCGGGTGAAGAGGTTGGTGGACGCCGCGAACGTGAATGCCAAGGA 638

Qy        383 CACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAGGTTTTGGGCGGAAAGACGT 442
              || ||| ||| | || ||  | || ||||||||||| |||||||||||  |||| || ||
Db        639 CATGGCCGGCCGAAAGTCTTCTCCCCTGCACTTCGCAGCAGGTTTTGGAAGGAAGGATGT 698

Qy        443 AGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG-CACGTGATGATGGGGGCCTTA 501
               ||  || | ||||| ||||  ||||| ||||||||| | | |||||||| ||||| || |
Db        699 TGTACAACACTTGCTGCAGATGGGTGCTAATGTCCACGCCCCGTGATGACGGGGGTCTCA 758

Qy        502 TTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGAC 561
              | || |||||||||||| |||||||| || |||||||| || || | |||  |  || | |
Db        759 TCCCACTTCATAATGCCTGCTCTTTCGGCCATGCTGAGGTTGTGAGTCTGTTACTGTGTC 818

Qy        562 ATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAA 621
              | || ||||| || |||||  ||||||| ||||| ||||| || || |||||||||||| |
Db        819 AAGGAGCAGATCCGAATGCCAGAGATAACTGGAACTATACACCACTGCATGAAGCTGCCA 878

Qy        622 TTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCC 681
              ||||||| || |||||||| || ||||||||| | ||||| ||||| || |||| |||||
Db        879 TTAAAGGGAAAATTGATGTCTGTATTGTGCTGCTGCAGCACGGAGCCGATCCAAACATCC 938

Qy        682 GAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTA 741
              | || || ||||| |   ||||  ||||  | |||||||| || || ||||| || || |
Db        939 GGAACACCGATGGGAAATCAGCTCTGGACCTGGCAGATCCTTCAGCAAAAGCTGTCCTCA 998

Qy        742 CTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAA 801
              | || ||||||| ||||| |||||| |||||  ||| |||||||| |||||||||||
Db        999 CAGGTGAATACAAAAAAGACGAACTCCTAGAAGCTGCTAGGAGTGGTAATGAAGAAAAAC 1058

Qy        802 TGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAA 861
              | |||||| ||| || ||  ||||||| || ||||| |||||||||||  ||||||| |
Db       1059 TAATGGCTTTACTGACTCCTCTAAATGTGAATTGCCATGCAAGTGATGGACGAAAGTCTA 1118

Qy        862 CTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAAC 921
Db       1119 CTCCGTTACACCTGGCAGCAGGCTACAACAGAGTTCGGATAGTTCAGCTGCTTCTACAGC 1178

Qy        922 ATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTT 981
Db       1179 ATGGTGCTGATGTCCACGCGAAAGACAAAGGTGGACTTGTACCTCTTCATAATGCATGCT 1238

Qy        982 CTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAA 1041
Db       1239 CATACGGACACTATGAGGTCACAGAACTGCTGCTAAAGCATGGAGCTTGTGTCAACGCTA 1298

Qy       1042 TGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTAT 1101
Db       1299 TGGATCTGTGGCAGTTCACACCGCTGCATGAAGCTGCTTCAAAGAACCGGGTAGAAGTCT 1358

Qy       1102 GTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTG 1161
Db       1359 GTTCTCTGTTACTTAGTCACGGTGCCGATCCAACCTTGGTCAATTGCCATGGCAAAAGTG 1418

Qy       1162 CTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCC 1221
Db       1419 CTGTCGACATGGCTCCAACTCCTGAGCTCCGGGAAAGACTGACATATGAATTTAAAGGCC 1478

Qy       1222 ACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTC 1281
Db       1479 ATTCTTTACTCCAAGCCGCCAGAGAAGCAGACCTGGCCAAAGTTAAAAAAACGCTTGCTT 1538

Qy       1282 TGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTG 1341
Db       1539 TGGAAATCATTAACTTCAAGCAGCCACAGTCTCATGAAACTGCATTGCACTGTGCTGTGG 1598

Qy       1342 CATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACA 1401
Db       1599 CCTCCTTGCATCCCAAACGAAAGCAGGTGGCAGAGCTGTTACTGAGGAAGGGAGCCAACG 1658

Qy       1402 TCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATA 1461
Db       1659 TCAACGAAAAGAACAAGGATTTCATGACCCCTCTGCATGTTGCAGCTGAAAGAGCTCATA 1718

Qy       1462 ATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTG 1521
Db       1719 ATGATGTCATGGAAGTTCTGCATAAGCACGGAGCAAAGATGAATGCACTGGATAGTCTTG 1778

Qy       1522 GTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCC 1581
Db       1779 GTCAGACTGCTTTGCACAGAGCTGCCTTAGCGGGCCACCTGCAGACCTGCCGCCTCCTGC 1838

Qy       1582 TGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGG 1641
Db       1839 TGAGTTATGGCTCTGATCCTTCCATCATCTCCCTGCAAGGCTTCACGGCAGCGCAGATGG 1898

Qy       1642 GAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAG 1701
Db       1899 GGAATGAAGCAGTGCAACAGATTCTGAGCGAGAGTACTCCTATGCGCACTTCGGACGTGG 1958

Qy       1702 ACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTA 1761
Db       1959 ACTATCGTCTCTTAGAGGCATCGAAAGCTGGTGACTTGGAAACTGTGAAGCAACTCTGCA 2018

Qy       1762 CTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTG 1821
Db       2019 GCCCGCAGAATGTGAACTGCAGAGACCTGGAGGGCCGGCACTCTACACCCTTACACTTCG 2078

Qy       1822 CAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGC 1881
Db       2079 CTGCAGGCTATAACCGTGTGTCTGTCGTTGAGTACCTTCTACATCATGGAGCTGATGTCC 2138

Qy       1882 ATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATG 1941
Db       2139 ATGCCAAAGACAAAGGTGGCTTGGTTCCCCTTCACAATGCCTGCTCCTATGGACACTATG 2198
```

```
Qy       1942 AAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAAT 2001
Db       2199 AGGTCGCCGAGCTCTTGGTGAGGCACGGGGCTTCAGTCAATGTGGCCGACCTGTGGAAAT 2258

Qy       2002 TTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCC 2061
Db       2259 TCACCCCTCTCCATGAAGCGGCAGCCAAGGGAAAATACGAAATCTGCAAACTCCTTCTAA 2318

Qy       2062 AGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTA 2121
Db       2319 AACATGGAGCAGATCCAACTAAGAAGAACAGAGATGGAAATACACCCCTAGATCTGGTCA 2378

Qy       2122 AAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTG 2181
Db       2379 AAGAAGGAGACACGGATATTCAGGACCTGCTGAGGGGCGATGCTGCCCTGTTGGATGCTG 2438

Qy       2182 CCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCC 2241
Db       2439 CCAAGAAGGGCTGCCTAGCCAGAGTGCAGAAGCTTTATACTCCAGAGAATATCAACTGCC 2498

Qy       2242 GCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAG 2301
Db       2499 GAGACACCCAGGGCAGAAATTCAACCCCTCTCCACCTGGCAGCAGGCTACAATAACCTGG 2558

Qy       2302 AAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGAC 2361
Db       2559 AAGTAGCTGAGTACCTTCTAGAGCACGGGGCTGATGTCAATGCCCAGGACAAAGGAGGGC 2618

Qy       2362 TTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAA 2421
Db       2619 TAATCCCACTTCACAACGCTGCGTCTTATGGGCATGTTGACATAGCAGCGTTACTGATAA 2678

Qy       2422 AGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAG 2481
Db       2679 AATACAACACGTGTGTAAACGCAACGGATAAGTGGGCCTTTACTCCCCTTCACGAAGCTG 2738

Qy       2482 CCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTC 2541
Db       2739 CCCAGAAAGGAAGGACGCAGTTATGTGCCCTGCTCCTAGCACATGGCGCAGACCCAACCA 2798

Qy       2542 TTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTC 2601
Db       2799 TGAAGAACCAGGAAGGTCAGACACCTTTAGATCTGGCGACGGCTGATGACATCCGGGCTC 2858

Qy       2602 TTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCA 2661
Db       2859 TGCTGATAGATGCCATGCCCCCTGAGGCCTTACCTACCTGTTTTAAACCTCAGG------ 2912

Qy       2662 ATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCAT 2721
Db       2913 ---------------CAACTGTAGTTAGTGCCTCTCTGATCTCACCAGCGTCCACCCCCT 2957

Qy       2722 CAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTT 2781
Db       2958 CCTGCCTCTCTGCTGCCAGCAGCATAGATAACCTCACTGGCCCGTTAACGGATCTGGCTG 3017

Qy       2782 CAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAG------GAGG 2835
Db       3018 TAGGAGGGGCCTCCAATGCAGGGGATGGCGCTGCGGGTGCAGAAAGGAAGGAAGGAGAAG 3077

Qy       2836 TTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAA 2895
Db       3078 TTGCGGGTCTTGACATGAACATCAGCCAGTTCCTTAAGAGCCTTGGCCTTGAGCACCTGA 3137

Qy       2896 TGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCA 2950
Db       3138 GGGACATTTTTGAAACAGAGCAGATTACGCTAGATGTGTTGGCTGATATGGGTCA 3192

RESULT 5
DQ034114
LOCUS       DQ034114                3612 bp    DNA     linear   GSS 02-JUN-2005
```

```
DEFINITION  Homo sapiens TNKS gene, VIRTUAL TRANSCRIPT, partial sequence,
            genomic survey sequence.
ACCESSION   DQ034114
VERSION     DQ034114.1  GI:66885323
KEYWORDS    GSS.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3612)
  AUTHORS   Nielsen,R., Bustamante,C., Clark,A.G., Glanowski,S., Sackton,T.B.,
            Hubisz,M.J., Fledel-Alon,A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.,
            White,T.J., Sninsky,J.J., Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     A Scan for Positively Selected Genes in the Genomes of Humans and
            Chimpanzees
  JOURNAL   (er) PLoS Biol. 3 (6), E170 (2005)
   PUBMED   15869325
REFERENCE   2  (bases 1 to 3612)
  AUTHORS   Nielsen,R., Bustamante,C., Clark,A.G., Glanowski,S., Sackton,T.B.,
            Hubisz,M.J., Fledel-Alon,A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.,
            White,T.J., Sninsky,J.J., Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (05-MAY-2005) Celera Genomics, 45 West Gude Drive,
            Rockville, MD 20850, USA
COMMENT     This sequence was made by sequencing genomic exons and ordering
            them based on alignment.  Translation starts at the beginning of
            alignment.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .3612
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /chromosome="8"
     gene            <1. .>3612
                     /gene="TNKS"
                     /locus_tag="HC3703"
ORIGIN

  Query Match             33.3%;  Score 1271.6;  DB 14;  Length 3612;
  Best Local Similarity   62.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 2074;  Conservative    0;  Mismatches  960;  Indels  267;  Gaps    5;

Qy           252 GGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAGAGCTGTTC 311
                 || || ||  |  |  |  | | || |   || |||     ||||   || || ||| |
Db           502 GGGGCAGCAGGACCTGGGACAGGGGTCCCAGCAGTGAGCGGGGCCCTACGGGAACTGCTG 561

Qy           312 GAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTGAGAAGGTG 371
                 ||||| || ||||| |||||||||   || || ||||||||||||    | |  || ||
Db           562 GAGGCCTGTCGCAATGGGGACGTGTCCCGGGTAAAGAGGCTGGTGGACGCGGCAAACGTA 621

Qy           372 AACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAGGTTTTGGG 431
                 ||       |||| ||| ||| |||| ||  | || ||||||||||| |||||||||||
Db           622 AATGCAAAGGACATGGCCGGCCGGAAGTCTTCTCCCCTGCACTTCGCTGCAGGTTTTGGA 681

Qy           432 CGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCACGTGATGAT 491
                  |||| || || || ||| | || || ||||  ||||| |||||||| || |||||||||
Db           682 AGGAAGGATGTTGTAGAACACTTACTACAGATGGGTGCTAATGTCCACGCTCGTGATGAT 741

Qy           492 GGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTC 551
                 || || || || || ||||||||||| || |||||||| |||||||| || || | |||
Db           742 GGAGGTCTCATCCCGCTTCATAATGCCTGTTCTTTTGGCCATGCTGAGGTTGTGAGTCTG 801

Qy           552 CTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCAT 611
                  | ||| | || || || || || |||||  | ||||| ||||| ||||| ||||| |||
Db           802 TTATTGTGCCAAGGAGCTGATCCAAATGCCAGGGATAACTGGAACTATACACCTCTGCAT 861

Qy           612 GAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAG 671
                 |||||||| |||||||| ||||| ||||| |||||||
Db           862 GAAGCTGCTATTAAAGGGAAGATCGATGTGTGCATTG----------------------- 898

Qy           672 CCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAA 731

Db           899 ------------------------------------------------------------ 898

Qy           732 GCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAAT 791
                                           |  |||  |  ||     |   |||||||| |||
Db           899 -------------------------GAATTGACTTACTACCTTTTTATAGGAGTGGTAAT 933

Qy           792 GAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGC 851
                 ||||||||| | |||||| |||| || ||  ||||||| || ||||| |||||||||||
Db           934 GAAGAAAAACTAATGGCTTTACTGACTCCTCTAAATGTGAATTGCCATGCAAGTGATGGG 993

Qy           852 AGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTG 911
                  |||||  |
Db           994 CGAAAGGGA--------------------------------------------------- 1002

Qy           912 TTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACAC 971
                                                              || || ||  | ||
Db          1003 ---------------------------------------------CTTGTGCCTCTTCAT 1017

Qy           972 AATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGT 1031
                 ||||| ||||| ||||| ||||||||||| || |||||  |  | |||||||| || |||
Db          1018 AATGCATGTTCATATGGACATTATGAAGTCACAGAACTGCTACTAAAGCATGGAGCTTGT 1077

Qy          1032 GTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGG 1091
                 || ||||| |||||  | ||||| || ||||| || || ||||| ||||| |||||| |
Db          1078 GTTAATGCCATGGATCTCTGGCAGTTTACTCCACTGCACGAGGCTGCTTCCAAGAACCGT 1137

Qy          1092 GTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCAC 1151
                 || ||||| || ||| |  |  | ||  |||| || || || ||  |  |||| || ||
Db          1138 GTAGAAGTCTGCTCTTTGTTACTTAGCCATGGCGCTGATCCTACGTTAGTCAACTGCCAT 1197

Qy          1152 AATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAA 1211
                    ||||||||| | ||  ||||||| || ||  || | |  || |||||  | ||||||
Db          1198 GGCAAAAGTGCTGTGGATATGGCTCCAACTCCGGAGCTTAGGGAGAGATTGACTTATGAA 1257

Qy          1212 TTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAA 1271
                 |||||||| || || || || ||||| ||  ||||||| ||  |  ||  | | ||||||
Db          1258 TTTAAAGGTCATTCTTTACTACAAGCAGCCAGAGAAGCAGACTTAGCTAAAGTTAAAAAA 1317

Qy          1272 CATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCAT 1331
                    ||| ||||||||||  | |||||||| || || ||  | |||||||||||| ||||
Db          1318 ACACTCGCTCTGGAAATCATTAATTTCAAACAACCGCAGTCTCATGAAACAGCACTGCAC 1377

Qy          1332 TGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAA 1391
                 |||||||  || ||||   |||||||| | || ||| |    ||| |||| || ||||||
Db          1378 TGTGCTGTGGCCTCTCTGCATCCCAAACGTAAACAAGTGACAGAATTGTTACTTAGAAAA 1437

Qy          1392 GGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAG 1451
                 ||||||||  | |||||||| | |||||| ||| ||||||| ||||| || ||| | ||
Db          1438 GGAGCAAATGTTAATGAAAAAAATAAAGATTTCATGACTCCCCTGCATGTTGCAGCCGAA 1497

Qy          1452 AAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTG 1511
                 | ||| |||||||||||  | |||||  ||   || ||||  ||  | |  ||||| |||
Db          1498 AGAGCCCATAATGATGTCATGGAAGTTCTGCATAAGCATGGCGCCAAGATGAATGCACTG 1557

Qy          1512 GATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGC 1571
                 || |  |||||||||||| || | || ||||| ||       || || || || ||||||
Db          1558 GACACCCTTGGTCAGACTGCTTTGCATAGAGCCGCCCTAGCAGGCCACCTGCAGACCTGC 1617

Qy          1572 CGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCT 1631
                 ||||| || ||||| || || | ||| ||   ||| || ||| | || ||||| || ||
Db          1618 CGCCTCCTGCTGAGTTACGGCTCTGACCCCTCCATCATCTCCTTACAAGGCTTCACAGCA 1677

Qy          1632 TTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAAT 1691
                   ||||||||| ||||||   || |||||  | ||    |
Db          1678 GCACAGATGGGCAATGAAGCAGTGCAGCAGATTCTGAGTGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 1737

Qy          1692 TCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTC------------ 1739

Db          1738 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNTAATGTT 1797

Qy          1740 ------------------------GAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTC 1775
                                         | | |   |||  |||| || |    ||| | |||
Db          1798 CGTTTTGTGTTTGTCTTTGTGTGTGCACCACGAAAGCAACTTTGCAGCTCTCAAAATGTG 1857
```

```
Qy       1776 AACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAAC 1835
              || || |||||| | || || || || || ||| ||  | || || ||||| || || |||
Db       1858 AATTGTAGAGACTTAGAGGGCCGGCATTCCACGCCCTTACACTTCGCAGCAGGCTACAAC 1917

Qy       1836 AGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAA 1895
               | ||||| || || || || |||||||| || || || ||||| ||||| ||||| ||
Db       1918 CGCGTGTCTGTTGTAGAGTACCTGCTACACCACGGTGCCGATGTCCATGCCAAAGACAAG 1977

Qy       1896 GGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTT 1955
              || ||| | || ||  | || ||||| ||||| |||||||| ||||| || || || |||
Db       1978 GGTGGCTTGGTGCCCCTTCATAATGCCTGTTCATATGGACACTATGAGGTGGCTGAGCTT 2037

Qy       1956 CTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACAT 2015
               | || |  ||||| ||    || ||||| || || |||||||||||||| ||| | |||
Db       2038 TTAGTAAGGCATGGGGCTTCTGTCAATGTGGCGGACTTATGGAAATTTACCCCTCTCCAT 2097

Qy       2016 GAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGAC 2075
              ||||||||||| ||||||||  |||||||| ||||| || ||  |  | |||| |||||
Db       2098 GAAGCAGCAGCTAAAGGAAAGTATGAAATCTGCAAGCTCCTTTTAAAACATGGAGCAGAT 2157

Qy       2076 CCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACA 2135
              || || ||||| ||||| ||||||||| ||||||||| | || || || ||||| |||
Db       2158 CCAACTAAAAAGAACAGAGATGGAAATACACCTTTGGATTTGGTAAAGGAAGGAGACACA 2217

Qy       2136 GATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGT 2195
              |||||||| ||  | || || || ||||| |||||| | ||||||||||||||||| ||
Db       2218 GATATTCAGGACTTACTGAGAGGGGATGCTGCTTTGTTGGATGCTGCCAAGAAGGGCTGC 2277

Qy       2196 TTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGC 2255
               | || |||||| ||||| | | | | || || ||| | || ||| | || ||||| |||
Db       2278 CTGGCAAGAGTGCAGAAGCTCTGTACCCCAGAGAATATCAACTGCAGAGACACCCAGGGC 2337

Qy       2256 AGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTAT 2315
              ||| ||||||| ||| | ||  | ||||| || ||||||||  | ||||| || || |||
Db       2338 AGAAATTCAACCCCTCTGCACCTGGCAGCAGGCTATAATAACCTGGAAGTAGCTGAATAT 2397

Qy       2316 TTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACAT 2375
               |  || | || |||||||||||| |||||||| ||||| || ||  | ||||||| | |||
Db       2398 CTTCTAGAGCATGGAGCTGATGTTAATGCCCAGGACAAGGGTGGTTTAATTCCTCTTCAT 2457

Qy       2376 AATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGT 2435
              ||||| ||||||||| ||||||||| ||  |||| ||| || || ||||| || ||  | |||
Db       2458 AATGCGGCATCTTATGGGCATGTTGACATAGCGGCTTTATTGATAAAATACAACACGTGT 2517

Qy       2436 GTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGA 2495
              || ||||| || || || ||||| || || ||  | || |||||||||||| || ||| |
Db       2518 GTAAATGCAACAGATAAGTGGGCGTTTACTCCCCTCCATGAAGCAGCCCAGAAAGGAAGG 2577

Qy       2496 ACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAA 2555
              || ||||| || ||  |  | ||||| |||||| || |||||| ||  | || || ||||||
Db       2578 ACGCAGCTGTGCGCCCTCCTCCTAGCGCATGGTGCAGACCCCACCATGAAGAACCAGGAA 2637

Qy       2556 GGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCC 2615
              || || || ||| | ||| | |   |||| || ||| ||| ||| | || |||| ||  |||
Db       2638 GGCCAGACGCCTCTGGATCTGGCAACAGCTGACGATATCAGAGCTTTGCTGATAGATGCC 2697

Qy       2616 ATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGC 2675
              |||||||||   ||  | ||  | ||||  || ||||| |
Db       2698 ATGCCCCCAGAGGCCTTACCTACCTGTTTTAAACCTCAGG-------------------- 2737

Qy       2676 CCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCA 2735
               |    |        ||||    |||    |||| | ||| ||  |||| || ||
Db       2738 -CTACTGTAGTGAGTGCCTCTCTGATCTCACCAGCATCCACCCCCTCCTGCCTCTCGGCT 2796

Qy       2736 GCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCA 2795
              ||||||||  | |||||| |  ||||   |||  ||||  || |   || ||     ||
Db       2797 GCCAGCAGCATAGACAACCTCACTGGCCCTTTAGCAGAGTTGGCCGTAGGAGGAGCCTCC 2856

Qy       2796 AGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAG------GAGGTTCCAGGAGTAGAT 2849
              | || |   || || ||  |  |    || |  |||        || |
Db       2857 AATGCAGGGGATGGCGCCGCAGGAACAGAAAGGAAGGAAGGAGAAGNNNNNNNNNNNNNN 2916

Qy       2850 TTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAG 2909

Db       2917 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2976

Qy       2910 AGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATT 2969
                       || ||  | ||||| || | ||| ||||| ||  | ||| |||| || ||
Db       2977 NNNNNNNNNATTACACTAGATGTGTTGGCTGATATGGGTCATGAAGAGTTGAAAGAAATA 3036

Qy       2970 GGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCC 3029
              || |||||||| ||||| ||  | |||||| |||| |||||||| || ||||||  |
Db       3037 GGCATCAATGCATATGGGCACCGCCACAAATTAATCAAAGGAGTAGAAAGACTCTTAGGT 3096

Qy       3030 GGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTT 3089
              |||||||||||    || || ||||| |||||  ||     |  |   ||||| ||| |
Db       3097 GGACAACAAGGCACCAATCCTTATTTGACTTTTCACTGTGTTAATCAGGGAACGATTTTG 3156

Qy       3090 ATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACA 3149
               | |||||  |||| || |||||||| | ||||| ||||| |||||||||||||||||||
Db       3157 CTGGATCTTGCTCCAGAAGATAAAGAATATCAGTCAGTGGAAGAAGAGATGCAAAGTACT 3216

Qy       3150 GTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTC 3209
               ||||||| ||||||||||| ||| |||| || || |||||||||||||||||| |  |
Db       3217 ATTCGAGAACACAGAGATGGTGGTAATGCTGGCGGCATCTTCAACAGATACAATGTCATT 3276

Qy       3210 AAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAA 3269
                 ||||| || |||   ||||||||  |  ||||  | | |   |||||    || |||
Db       3277 CGAATTCAAAAAGTTGTCAACAAGAAGTTGAGGGAGCGGTTCTGCCACCGACAGAAGGAA 3336

Qy       3270 GTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTT 3329
              || ||||| || || ||||||||  |||||| || ||| | |||||||| ||||||||
Db       3337 GTGTCTGAGGAGAATCACAACCATCACAATGAGCGCATGTTGTTTCATGGTTCTCCTTTC 3396

Qy       3330 GTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTT 3389
               | ||||| ||||| || ||| ||||||||  | |||| |||||||| || ||||||
Db       3397 ATTAATGCCATTATTCATAAAGGGTTTGATGAGCGACATGCATACATAGGAGGAATGTTT 3456

Qy       3390 GGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATT 3449
              || || || |||||||||||||||||||| || |||||||| |||||||| |||||||||
Db       3457 GGGGCCGGGATTTATTTTGCTGAAAACTCCTCAAAAAGCAACCAATATGTTTATGGAATT 3516

Qy       3450 GGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAG 3509
              |||||||| || || || ||    ||||| ||||| || || || || || |||||   |
Db       3517 GGAGGAGGAACAGGCTGCCCTACACACAAGGACAGGTCATGCTATATATGTCACAGCAGG 3576

Qy       3510 C 3510
              |
Db       3577 C 3577


RESULT 6
DQ034115
LOCUS       DQ034115                3107 bp    DNA     linear   GSS 02-JUN-2005
DEFINITION  Pan troglodytes TNKS gene, VIRTUAL TRANSCRIPT, partial sequence,
            genomic survey sequence.
ACCESSION   DQ034115
VERSION     DQ034115.1  GI:66885324
KEYWORDS    GSS.
SOURCE      Pan troglodytes (chimpanzee)
  ORGANISM  Pan troglodytes
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Pan.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3107)
  AUTHORS   Nielsen,R., Bustamante,C., Clark,A.G., Glanowski,S., Sackton,T.B.,
            Hubisz,M.J., Fledel-Alon,A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.,
            White,T.J., Sninsky,J.J., Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     A Scan for Positively Selected Genes in the Genomes of Humans and
            Chimpanzees
  JOURNAL   (er) PLoS Biol. 3 (6), E170 (2005)
   PUBMED   15869325
REFERENCE   2  (bases 1 to 3107)
  AUTHORS   Nielsen,R., Bustamante,C., Clark,A.G., Glanowski,S., Sackton,T.B.,
            Hubisz,M.J., Fledel-Alon,A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.,
            White,T.J., Sninsky,J.J., Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (05-MAY-2005) Celera Genomics, 45 West Gude Drive,
            Rockville, MD 20850, USA
COMMENT     This sequence was made by sequencing genomic exons and ordering
            them based on alignment.  Translation starts at the beginning of
            alignment.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..3107
                     /organism="Pan troglodytes"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:9598"
     gene            <1..>3107
                     /gene="TNKS"
                     /locus_tag="HC3703"
ORIGIN

  Query Match             23.4%;  Score 892.2;  DB 14;  Length 3107;
  Best Local Similarity   49.2%;  Pred. No. 1.5e-223;
  Matches 1275;  Conservative    0;  Mismatches 1255;  Indels   63;  Gaps    3;

Qy        960 GTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAG 1019
              || ||  | || ||||||||||| ||||| || |||||
Db        501 GTGCCCCTTCATAATGCCTGTTCATATGGACACTATGANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 560

Qy       1020 CATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCT 1079

Db        561 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 620

Qy       1080 TCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTG 1139
                                                   |  ||||  | ||    ||| |
Db        621 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGCCATGGCNCNGATNNNACATTA 680

Qy       1140 CTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGA 1199
               |||  || ||    |||||||||   ||  ||||||| || ||  || | |  || |||
Db        681 GTCANCTGCCATGGCAAAAGTGCTNNNGATATGGCTCCAACTCCGGAGCTTAGGGAGAGA 740

Qy       1200 TTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACT 1259
              ||  | |
Db        741 TTGACTTNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 800

Qy       1260 CGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAA 1319

Db        801 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 860

Qy       1320 ACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTG 1379
                       || |||||||  || ||||   |||||||| | || ||| |    ||| ||
Db        861 NNNNNNNNNCACTGTGCTGTGGCCTCTCTGCATCCCAAACGTAAACAAGTGACAGAATTG 920

Qy       1380 TTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCAC 1439
              || || ||||||||||||||  | |||||||| | |||||| ||| ||||||| |||||
Db        921 TTACTTAGAAAAGGAGCAAATGTTAATGAAAAAAATAAAGATTTCATGACTCCCCTGCAT 980

Qy       1440 GTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAG 1499
              || ||| | || | ||| |||||||||||  | |||||  ||   || ||||  || |||
Db        981 GTTGCAGCCGAAAGAGCCCATAATGATGTCATGGAAGTTCTGCATAAGCATGGCGCCAAG 1040

Qy       1500 GTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCAT 1559

Db       1041 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 1100

Qy       1560 CTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAG 1619

Db       1101 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 1160

Qy       1620 GGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATC 1679

Db       1161 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 1220

Qy       1680 TCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTC 1739

Db       1221 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 1280

Qy       1740 ------------------------------------GAAACTGTAAAAAAACTGTGTACT 1763
                                                  | | |   |||  |||| || |
Db       1281 NNNNNTAATGTTCGTTTTGTGTTTGTCTTTGTGTGTGCACCACGAAAGCAACTTTGCAGC 1340

Qy       1764 GTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCA 1823
                ||| | ||| || || |||||| | || || || || || || ||  | || || |||
Db       1341 CCTCAAAATGTGAATTGTAGAGACTTAGAGGGCCGGCATTCCACGCCCTTACACTTCGCA 1400

Qy       1824 GCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCAT 1883
              || || || ||| | ||||| || || || || |||||||| || || || ||||| |||
Db       1401 GCAGGCTACAACCGCGTGTCTGTTGTAGAGTACCTGCTACACCACGGTGCCGATGTCCAT 1460

Qy       1884 GCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAA 1943
              || ||||| || || ||| | || ||  | || ||||| ||||| |||||||| |||||
Db       1461 GCCAAAGACAAGGGTGGCTTGGTGCCCCTTCATAATGCCTGTTCATATGGACACTATGAG 1520

Qy       1944 GTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTT 2003
              || || || ||| | || |  ||||| ||    || ||||| || || ||||||||||||
Db       1521 GTGGCTGAGCTTTTAGTAAGGCATGGGGCTTCTGTCAATGTGGCGGACTTATGGAAATTT 1580

Qy       2004 ACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAG 2063
              || ||| | |||||||||||||| |||||||| || ||||| ||||| || ||  |  |
Db       1581 ACCCCTCTCCATGAAGCAGCAGCTAAAGGAAAGTACGAAATCTGCAAGCTCCTTTTAAAA 1640

Qy       2064 CATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAAACAGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAA 2123
                                                         |||||||| | || ||
Db       1641 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNCTTTGGATTTGGTAAAG 1700

Qy       2124 GATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCC 2183
              || |||   ||  ||||||| ||  | || || || ||||| |||||| | |||||||||
Db       1701 GAAGGANNNACNNATATTCAGGACTTACTGAGAGGGGATGCTGCTTTGTTGGATGCTGCC 1760

Qy       2184 AAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGC 2243
              |||||||| ||  | || |||||| ||||| ||| | | || || ||| | || ||| |
Db       1761 AAGAAGGGCTGCCTGGCAAGAGTGCAGAAGCTGTGTACCCCAGAGAATATCAACTGCAGA 1820

Qy       2244 GATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAA 2303
              || ||||| |||||| ||||||| ||| | ||  | ||||| || || |||||  | |||
Db       1821 GACACCCAGGGCAGAAATTCAACCCCTCTGCACCTGGCAGCAGGCTACAATAACCTGGAA 1880

Qy       2304 GTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTT 2363
              || || || ||| |  || | || ||||||||||| |||||||| ||||| || ||  |
Db       1881 GTAGCTGAATATCTTCTAGAGCATGGAGCTGATGTTAATGCCCAGGACAAGGGTGGTTTA 1940

Qy       2364 ATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAG 2423
              |||||| | |||||||| |||||||| |||||||| ||  |||| ||| || | |||||
Db       1941 ATTCCTCTTCATAATGCGGCATCTTATGGGCATGTTGACATAGCGGCTTTATTGATAAAA 2000

Qy       2424 TATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCC 2483
              || ||  | ||||| ||||| || || || ||||| || || ||| | || |||||||||
Db       2001 TACAACACGTGTGTAAATGCAACAGATAAGTGGGCGTTTACTCCTCTCCATGAAGCAGCC 2060

Qy       2484 CAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTT 2543
              || || ||| | || ||||| || ||  |  | ||||| ||||| || ||||| ||  |
Db       2061 CAGAAAGGAAGGACGCAGCTGTGCGCCCTCCTCCTAGCGCATGGTGCAGACCCCACCATG 2120

Qy       2544 AAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTT 2603
              || || |||||||| || || ||| | ||| | |   |||| || ||| |||| ||| |
Db       2121 AAGAACCAGGAAGGCCAGACGCCTCTGGATCTGGCAACAGCTGACGATATCAGAGCTTTG 2180

Qy       2604 CTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAAT 2663
              |||| ||  ||||||||||||   ||  | ||  | ||||  || ||||| |
Db       2181 CTGATAGATGCCATGCCCCCAGAGGCCTTACCTACCTGTTTTAAACCTCAGG-------- 2232

Qy       2664 GGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCA 2723
                           |    |        |   ||||    |||    |||| | ||| ||
Db       2233 -------------CTACTGTAGTGAGTGCCTCTCTGATCTCACCAGCATCCACCCCCTCC 2279

Qy       2724 AGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG------GAGTTTTTCAGAACTG 2777
               |||| ||||| ||||||||  | |||||| |  ||||
Db       2280 TGCCTCTCTGCTGCCAGCAGCATAGACAACCTCACTGGCCNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2339

Qy       2778 TCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTT 2837
```

```
Db       2340 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2399

Qy       2838 CCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATG 2897

Db       2400 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2459

Qy       2898 GATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAG 2957
                                    | ||  | ||||| || | ||| ||||| ||  | |||
Db       2460 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNTTACACTAGATGTGTTGGCTGATATGGGTCATGAAGAG 2519

Qy       2958 CTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAG 3017
               |||| || || || |||||||| ||||| ||  | |||||| |||| |||||||| ||
Db       2520 TTGAAAGAAATAGGCATCAATGCATATGGGCACCGCCACAAATTAATCAAAGGAGTNGAA 2579

Qy       3018 AGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGT 3077
              |||||| |    |||||||||||  . || || ||||| |||||  ||     |  |
Db       2580 AGACTTTTAGGTGGACAACAAGGCACCAATCCTTATTTGACTTTTCACTGTGTTAATCAG 2639

Qy       3078 GGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAG 3137
              ||||| ||| |  | |||||  |||| ||  |||||||| | |||||| ||||| ||||||
Db       2640 GGAACGATTTTGCTGGATCTTGCTCCAGAAGATAAAGAATATCAGTCAGTGGAAGAAGAG 2699

Qy       3138 ATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGA 3197

Db       2700 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2759

Qy       3198 TACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCAC 3257
                             ||||| || |||   ||||||||  |  ||||  | | |   |||
Db       2760 NNNNNNNNNNNNNNNATTCAAAAAGTTGTCAACAAGAAGTTGAGGGAGCGGTTCTGCCAC 2819

Qy       3258 CGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCAT 3317
              ||    ||.||||| ||||| || || |||||||||  |||||| || ||| | ||||||
Db       2820 CGACAGAAGGAAGTGTCTGAGGAGAATCACAACCATCACAATGAGCGCATGTTGTTTCAT 2879

Qy       3318 GGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATA 3377
              || ||||||||  | ||||| ||||| || ||||| ||||||||  | ||||| ||||||
Db       2880 GGTTCTCCTTTCATTAATGCCATTATTCATAAAGGGTTTGATGAGCGACATGCATACATA 2939

Qy       3378 GGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATAT 3437
              || || |||||||| || || |||||||||||||||||||| || |||||||| ||||||
Db       2940 GGAGGAATGTTTGGGGCCGGGATTTATTTTGCTGAAAACTCCTCAAAAAGCAACCAATAT 2999

Qy       3438 GTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATT 3497
              || ||||||||||||||||| || || || ||    ||||| ||||| || || || ||
Db       3000 GTTTATGGAATTGGAGGAGGAACAGGCTGCCCTACACACAAGGACAGGTCATGCTATATA 3059

Qy       3498 TGCCACAGGCAGC 3510
              || |||||   ||
Db       3060 TGTCACAGCAGGC 3072


RESULT 7
CR983155
LOCUS       CR983155                 888 bp    mRNA    linear   EST 24-JUN-2005
DEFINITION  CR983155 RZPD no.9017 Homo sapiens cDNA clone RZPDp9017K2313 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   CR983155
VERSION     CR983155.1  GI:68221489
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 888)
  AUTHORS   Heil,O., Ebert,L., Hennig,S., Henze,S., Radelof,U., Schneider,D.
            and Korn,B.
  TITLE     Human T-Lymphocytes library
  JOURNAL   Unpublished (2005)
COMMENT     Contact: Inge Arlart
            RZPD Deutsches Ressourcenzentrum fuer Genomforschung GmbH
            Heubnerweg 6, D-14059 Berlin, Germany
            Email: www.rzpd.de
            RZPD; RZPDp9017K2313.
            RZPDLIB; (Human T-Lymphocytes) RZPD LIB No.9017
            http://www.rzpd.de/cgi-bin/products/set.cgi?libNo=9017 Contact:
            Inge Arlart
            RZPD Deutsches Ressourcenzentrum fuer Genomforschung GmbH
            Heubnerweg 6, D-14059 Berlin, Germany
            Tel: +49 30 32639 100
            Fax: +49 30 32639 111
            www.rzpd.de
            This clone is available from RZPD;
            http://www.rzpd.de/cgi- bin/products/cl.cgi?CloneID=RZPDp9017K2313
            contact RZPD (product- support@rzpd.de) for further information.
            Primer name: qe3_4 , Primer sequence: CGGATAACAATTCACACAG.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .888
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="RZPDp9017K2313"
                     /tissue_type="T-Lymphocytes"
                     /dev_stage="adult"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="RZPD no.9017"
                     /note="Vector: pQE80LSN_cloned; Site_1: SalI; Site_2:
                     NotI; vector:
                     http://www.rzpd.de/info/vectors/pQE80LSN_cloned_pic.shtml
                     ; 1st strand cDNA was prepared from mRNA obtained from
                     human T-Lymphocytes with a NotI - oligo(dT) primer [5'
                     GACTAGTTCTAGATCGCGAGCGGCCGCCCTTTTTTTTTTTTTTT 3'].
                     Double-stranded cDNA was ligated to SalI adaptors,
                     digested with NotI and cloned into the NotI and SalI sites
                     of the pQE80LSN_cloned vector"
ORIGIN

  Query Match             23.2%;  Score 884.4;  DB 8;  Length 888;
  Best Local Similarity   99.7%;  Pred. No. 1.1e-221;
  Matches  885;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       2577 GTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCC 2636
              |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GTTTCAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCC 60

Qy       2637 TCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCT 2696
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 TCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCT 120

Qy       2697 CTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTA 2756
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTA 180

Qy       2757 TCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCC 2816
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 TCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCC 240

Qy       2817 AGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAAT 2876
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 AGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAAT 300

Qy       2877 CTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTA 2936
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTA 360

Qy       2937 GTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCAC 2996
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCAC 420

Qy       2997 AAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTA 3056
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 AAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTA 480

Qy       3057 ACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAG 3116
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 ACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAG 540

Qy       3117 TTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCAT 3176
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 TTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCAT 600

Qy       3177 GCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAA 3236
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 GCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAA 660

Qy       3237 CTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCC 3296
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCC 720

Qy       3297 AATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTT 3356
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 AATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTT 780

Qy       3357 GATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAAC 3416
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 GATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAAC 840

Qy       3417 TCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGG 3464
              ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||
Db        841 TCTTCCAAANGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGNACTGGG 888


RESULT 8
CR987822
LOCUS       CR987822                 926 bp    mRNA    linear   EST 28-JUN-2005
DEFINITION  CR987822 RZPD no.9016 Homo sapiens cDNA clone RZPDp9016I1435 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   CR987822
VERSION     CR987822.1  GI:68281707
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 926)
  AUTHORS   Heil,O., Ebert,L., Hennig,S., Henze,S., Radelof,U., Schneider,D.
            and Korn,B.
  TITLE     Human T-Lymphocytes library
  JOURNAL   Unpublished (2005)
COMMENT     Contact: Inge Arlart
            RZPD Deutsches Ressourcenzentrum fuer Genomforschung GmbH
            Heubnerweg 6, D-14059 Berlin, Germany
            Email: www.rzpd.de
            RZPD; RZPDp9016I1435.
            RZPDLIB; (Human T-Lymphocytes) RZPD LIB No.9016
            http://www.rzpd.de/cgi-bin/products/set.cgi?libNo=9016 Contact:
            Inge Arlart
            RZPD Deutsches Ressourcenzentrum fuer Genomforschung GmbH
            Heubnerweg 6, D-14059 Berlin, Germany
            Tel: +49 30 32639 100
            Fax: +49 30 32639 111
            www.rzpd.de
            This clone is available from RZPD;
            http://www.rzpd.de/cgi- bin/products/cl.cgi?CloneID=RZPDp9016I1435
            contact RZPD (product- support@rzpd.de) for further information.
            Primer name: qe3_4 , Primer sequence: CGGATAACAATTCACACAG.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..926
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="RZPDp9016I1435"
                     /tissue_type="T-Lymphocytes"
                     /dev_stage="adult"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="RZPD no.9016"
                     /note="Vector: pQE80LSN_cloned; Site_1: SalI; Site_2:
                     NotI; vector:
                     http://www.rzpd.de/info/vectors/pQE80LSN_cloned_pic.shtml
                     ; 1st strand cDNA was prepared from mRNA obtained from
                     human T-Lymphocytes with a NotI - oligo(dT) primer [5'
                     GACTAGTTCTAGATCGCGAGCGGCCGCCCTTTTTTTTTTTTTTT 3'].
                     Double-stranded cDNA was ligated to SalI adaptors,
                     digested with NotI and cloned into the NotI and SalI sites
                     of the pQE80LSN_cloned vector"
ORIGIN

  Query Match             22.5%;  Score 859.6;  DB 8;  Length 926;
  Best Local Similarity   98.6%;  Pred. No. 4.2e-215;
  Matches  917;  Conservative    0;  Mismatches    8;  Indels    5;  Gaps    5;

Qy       1647 GAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGA 1706
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGA 60

Qy       1707 CAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTT 1766
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Db         61 CAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGT-AAAAAACTGTGTACTGTT 119

Qy       1767 CAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCT 1826
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        120 CAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCT 179

Qy       1827 GGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCT 1886
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        180 GGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCT 239

Qy       1887 AAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTT 1946
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        240 AAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTT 299

Qy       1947 GCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACA 2006
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        300 GCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACA 359

Qy       2007 CCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCAT 2066
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        360 CCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCAT 419

Qy       2067 GGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGAT 2126
              |||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        420 GGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGAT 479

Qy       2127 GGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAG 2186
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        480 GGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAG 539

Qy       2187 AAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGAT 2246
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        540 AAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGAT 599

Qy       2247 ACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTT 2306
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        600 ACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTT 659

Qy       2307 GCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATT 2366
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        660 GCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATT 719

Qy       2367 CCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTAT 2426
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db        720 CCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTANCAGCTCTACTAATAAAGTAT 779

Qy       2427 AATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAA 2486
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Db        780 AATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAA-CAGCCCAA 838

Qy       2487 AAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAA 2546
              ||||||||||||||||||||||| ||||||||| ||| |||| |||||||||||||| ||
Db        839 AAGGGACGAACACAGCTTTGTGC-TTGTTGCTANCCC-TGGANCTGACCCGACTCTT-AA 895
```

```
Qy        2547 AATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTA 2576
               |||||||||||||||   |||||| |||||
Db         896 AATCAGGAAGGACAACNCCCTTTAAATTTA 925


RESULT 9
AU140145
LOCUS       AU140145                 838 bp    mRNA    linear   EST 05-AUG-2002
DEFINITION  AU140145 PLACE2 Homo sapiens cDNA clone PLACE2000021 5', mRNA
            sequence.
ACCESSION   AU140145
VERSION     AU140145.1  GI:11001666
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 838)
  AUTHORS   Kimura,K., Wakamatsu,A., Suzuki,Y., Ota,T., Nishikawa,T.,
            Yamashita,R., Yamamoto,J., Sekine,M., Tsuritani,K., Wakaguri,H.,
            Ishii,S., Sugiyama,T., Saito,K., Isono,Y., Irie,R., Kushida,N.,
            Yoneyama,T., Otsuka,R., Kanda,K., Yokoi,T., Kondo,H., Wagatsuma,M.,
            Murakawa,K., Ishida,S., Ishibashi,T., Takahashi-Fujii,A.,
            Tanase,T., Nagai,K., Kikuchi,H., Nakai,K., Isogai,T. and Sugano,S.
  TITLE     Diversification of Transcriptional Modulation: Large-scale
            Identification and Characterization of Putative Alternative
            Promoters of Human Genes
  JOURNAL   Genome Res. 16 (1), 55-65 (2006)
   PUBMED   16344560
COMMENT     Contact: Takao Isogai
            FLJ Project (HRI Team)
            Helix Research Institute
            2-6-7 Kazusa-Kamatari, Kisarazu, Chiba, 292-0818, Japan
            Tel: 81-438-52-3975
            Fax: 81-438-52-3986
            Email: flj-cdna@nifty.com
            HRI human cDNA project; 5'- & 3'-end one pass sequencing: Helix
            Research Institute; cDNA library construction: Department of
            Virology, Institute of Medical Science, University of Tokyo, and
            Helix Research Institute.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..838
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="PLACE2000021"
                     /tissue_type="placenta"
                     /clone_lib="PLACE2"
                     /note="Vector: pME18SFL3"
ORIGIN

  Query Match             20.6%;  Score 784.2;  DB 1;  Length 838;
  Best Local Similarity   98.0%;  Pred. No. 3.4e-195;
  Matches  823;  Conservative    0;  Mismatches   13;  Indels    4;  Gaps    3;

Qy        2734 CAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTT 2793
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           1 CAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTT 60

Qy        2794 CAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTA 2853
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          61 CAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTA 120

Qy        2854 GCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAG 2913
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         121 GCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAG 180

Qy        2914 AACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAA 2973
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         181 AACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAA 240
```

```
Qy        2974 TCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGAC 3033
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         241 TCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGAC 300

Qy        3034 AACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAG 3093
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         301 AACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAG 360

Qy        3094 ATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTC 3153
               ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         361 ATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCCGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTC 420

Qy        3154 GAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGA 3213
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         421 GAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGA 480

Qy        3214 TTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTT 3273
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         481 TTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTT 540

Qy        3274 CTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGA 3333
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         541 CTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGA 600

Qy        3334 ATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAG 3393
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         601 ATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAG 660

Qy        3394 CTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAG 3453
               ||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Db         661 CTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT-CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAN 719

Qy        3454 GAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGC 3513
               || || ||||||||||||||||||||||| ||||||| ||||||||||||| ||||||||
Db         720 GANGT-CTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACCGATCTTGGTACATTTGCCACANGCAGCTGC 778

Qy        3514 TCTTTTG--CCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGC 3571
               |||||||  | ||  | |||||||||||||||| |||||||||| ||||||| |||||||
Db         779 TCTTTTGGCCGGGTAACCCTTGGGAAAGTCTTTTCTGCAGTTCANTGCAATGNAAATGGC 838


RESULT 10
AK163335
LOCUS       AK163335                 1078 bp    mRNA    linear   HTC 21-SEP-2005
DEFINITION  Mus musculus 2 cells egg cDNA, RIKEN full-length enriched library,
            clone:B020015H19 product:Tankyrase 2 (EC 2.4.2.30) (TANK2)
            (Tankyrase II) (TNKS-2) (TRF1- interacting ankyrin-related
            ADP-ribose polymerase 2) (Tankyrase-like protein)
            (Tankyrase-related protein) homolog [Homo sapiens], full insert
            sequence.
ACCESSION   AK163335
VERSION     AK163335.1  GI:74194531
KEYWORDS    HTC; CAP trapper.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia;
            Sciurognathi; Muroidea; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Carninci,P. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     High-efficiency full-length cDNA cloning
  JOURNAL   Meth. Enzymol. 303, 19-44 (1999)
   PUBMED   10349636
REFERENCE   2
  AUTHORS   Carninci,P., Shibata,Y., Hayatsu,N., Sugahara,Y., Shibata,K.,
            Itoh,M., Konno,H., Okazaki,Y., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Normalization and subtraction of cap-trapper-selected cDNAs to
            prepare full-length cDNA libraries for rapid discovery of new genes
  JOURNAL   Genome Res. 10 (10), 1617-1630 (2000)
   PUBMED   11042159
REFERENCE   3
  AUTHORS   Shibata,K., Itoh,M., Aizawa,K., Nagaoka,S., Sasaki,N., Carninci,P.,
            Konno,H., Akiyama,J., Nishi,K., Kitsunai,T., Tashiro,H., Itoh,M.,
            Sumi,N., Ishii,Y., Nakamura,S., Hazama,M., Nishine,T., Harada,A.,
            Yamamoto,R., Matsumoto,H., Sakaguchi,S., Ikegami,T., Kashiwagi,K.,
            Fujiwake,S., Inoue,K., Togawa,Y., Izawa,M., Ohara,E., Watahiki,M.,
            Yoneda,Y., Ishikawa,T., Ozawa,K., Tanaka,T., Matsuura,S., Kawai,J.,
            Okazaki,Y., Muramatsu,M., Inoue,Y., Kira,A. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     RIKEN integrated sequence analysis (RISA) system--384-format
            sequencing pipeline with 384 multicapillary sequencer
  JOURNAL   Genome Res. 10 (11), 1757-1771 (2000)
   PUBMED   11076861
REFERENCE   4
  AUTHORS   Kawai,J., Shinagawa,A., Shibata,K., Yoshino,M., Itoh,M., Ishii,Y.,
            Arakawa,T., Hara,A., Fukunishi,Y., Konno,H., Adachi,J., Fukuda,S.,
            Aizawa,K., Izawa,M., Nishi,K., Kiyosawa,H., Kondo,S., Yamanaka,I.,
            Saito,T., Okazaki,Y., Gojobori,T., Bono,H., Kasukawa,T., Saito,R.,
            Kadota,K., Matsuda,H., Ashburner,M., Batalov,S., Casavant,T.,
            Fleischmann,W., Gaasterland,T., Gissi,C., King,B., Kochiwa,H.,
            Kuehl,P., Lewis,S., Matsuo,Y., Nikaido,I., Pesole,G.,
            Quackenbush,J., Schriml,L.M., Staubli,F., Suzuki,R., Tomita,M.,
            Wagner,L., Washio,T., Sakai,K., Okido,T., Furuno,M., Aono,H.,
            Baldarelli,R., Barsh,G., Blake,J., Boffelli,D., Bojunga,N.,
            Carninci,P., de Bonaldo,M.F., Brownstein,M.J., Bult,C.,
            Fletcher,C., Fujita,M., Gariboldi,M., Gustincich,S., Hill,D.,
            Hofmann,M., Hume,D.A., Kamiya,M., Lee,N.H., Lyons,P.,
            Marchionni,L., Mashima,J., Mazzarelli,J., Mombaerts,P., Nordone,P.,
            Ring,B., Ringwald,M., Rodriguez,I., Sakamoto,N., Sasaki,H.,
            Sato,K., Schonbach,C., Seya,T., Shibata,Y., Storch,K.F., Suzuki,H.,
            Toyo-oka,K., Wang,K.H., Weitz,C., Whittaker,C., Wilming,L.,
            Wynshaw-Boris,A., Yoshida,K., Hasegawa,Y., Kawaji,H., Kohtsuki,S.
            and Hayashizaki,Y.
  CONSRTM   RIKEN Genome Exploration Research Group Phase II Team and the
            FANTOM Consortium
  TITLE     Functional annotation of a full-length mouse cDNA collection
  JOURNAL   Nature 409 (6821), 685-690 (2001)
   PUBMED   11217851
REFERENCE   5
  AUTHORS   Okazaki,Y., Furuno,M., Kasukawa,T., Adachi,J., Bono,H., Kondo,S.,
            Nikaido,I., Osato,N., Saito,R., Suzuki,H., Yamanaka,I.,
            Kiyosawa,H., Yagi,K., Tomaru,Y., Hasegawa,Y., Nogami,A.,
            Schonbach,C., Gojobori,T., Baldarelli,R., Hill,D.P., Bult,C.,
            Hume,D.A., Quackenbush,J., Schriml,L.M., Kanapin,A., Matsuda,H.,
            Batalov,S., Beisel,K.W., Blake,J.A., Bradt,D., Brusic,V.,
            Chothia,C., Corbani,L.E., Cousins,S., Dalla,E., Dragani,T.A.,
            Fletcher,C.F., Forrest,A., Frazer,K.S., Gaasterland,T.,
            Gariboldi,M., Gissi,C., Godzik,A., Gough,J., Grimmond,S.,
            Gustincich,S., Hirokawa,N., Jackson,I.J., Jarvis,E.D., Kanai,A.,
            Kawaji,H., Kawasawa,Y., Kedzierski,R.M., King,B.L., Konagaya,A.,
            Kurochkin,I.V., Lee,Y., Lenhard,B., Lyons,P.A., Maglott,D.R.,
            Maltais,L., Marchionni,L., McKenzie,L., Miki,H., Nagashima,T.,
            Numata,K., Okido,T., Pavan,W.J., Pertea,G., Pesole,G.,
            Petrovsky,N., Pillai,R., Pontius,J.U., Qi,D., Ramachandran,S.,
            Ravasi,T., Reed,J.C., Reed,D.J., Reid,J., Ring,B.Z., Ringwald,M.,
            Sandelin,A., Schneider,C., Semple,C.A., Setou,M., Shimada,K.,
            Sultana,R., Takenaka,Y., Taylor,M.S., Teasdale,R.D., Tomita,M.,
            Verardo,R., Wagner,L., Wahlestedt,C., Wang,Y., Watanabe,Y.,
            Wells,C., Wilming,L.G., Wynshaw-Boris,A., Yanagisawa,M., Yang,I.,
            Yang,L., Yuan,Z., Zavolan,M., Zhu,Y., Zimmer,A., Carninci,P.,
            Hayatsu,N., Hirozane-Kishikawa,T., Konno,H., Nakamura,M.,
            Sakazume,N., Sato,K., Shiraki,T., Waki,K., Kawai,J., Aizawa,K.,
            Arakawa,T., Fukuda,S., Hara,A., Hashizume,W., Imotani,K., Ishii,Y.,
            Itoh,M., Kagawa,I., Miyazaki,A., Sakai,K., Sasaki,D., Shibata,K.,
            Shinagawa,A., Yasunishi,A., Yoshino,M., Waterston,R., Lander,E.S.,
            Rogers,J., Birney,E. and Hayashizaki,Y.
  CONSRTM   FANTOM Consortium
  TITLE     Analysis of the mouse transcriptome based on functional annotation
            of 60,770 full-length cDNAs
  JOURNAL   Nature 420 (6915), 563-573 (2002)
   PUBMED   12466851
REFERENCE   6
  AUTHORS   Carninci,P., Kasukawa,T., Katayama,S., Gough,J., Frith,M.C.,
            Maeda,N., Oyama,R., Ravasi,T., Lenhard,B., Wells,C., Kodzius,R.,
            Shimokawa,K., Bajic,V.B., Brenner,S.E., Batalov,S., Forrest,A.R.,
            Zavolan,M., Davis,M.J., Wilming,L.G., Aidinis,V., Allen,J.E.,
            Ambesi-Impiombato,A., Apweiler,R., Aturaliya,R.N., Bailey,T.L.,
            Bansal,M., Baxter,L., Beisel,K.W., Bersano,T., Bono,H., Chalk,A.M.,
            Chiu,K.P., Choudhary,V., Christoffels,A., Clutterbuck,D.R.,
            Crowe,M.L., Dalla,E., Dalrymple,B.P., de Bono,B., Della Gatta,G.,
            di Bernardo,D., Down,T., Engstrom,P., Fagiolini,M., Faulkner,G.,
            Fletcher,C.F., Fukushima,T., Furuno,M., Futaki,S., Gariboldi,M.,
            Georgii-Hemming,P., Gingeras,T.R., Gojobori,T., Green,R.E.,
            Gustincich,S., Harbers,M., Hayashi,Y., Hensch,T.K., Hirokawa,N.,
            Hill,D., Huminiecki,L., Iacono,M., Ikeo,K., Iwama,A., Ishikawa,T.,
            Jakt,M., Kanapin,A., Katoh,M., Kawasawa,Y., Kelso,J., Kitamura,H.,
            Kitano,H., Kollias,G., Krishnan,S.P., Kruger,A., Kummerfeld,S.K.,
            Kurochkin,I.V., Lareau,L.F., Lazarevic,D., Lipovich,L., Liu,J.,
            Liuni,S., McWilliam,S., Madan Babu,M., Madera,M., Marchionni,L.,
            Matsuda,H., Matsuzawa,S., Miki,H., Mignone,F., Miyake,S.,
            Morris,K., Mottagui-Tabar,S., Mulder,N., Nakano,N., Nakauchi,H.,
            Ng,P., Nilsson,R., Nishiguchi,S., Nishikawa,S., Nori,F., Ohara,O.,
            Okazaki,Y., Orlando,V., Pang,K.C., Pavan,W.J., Pavesi,G.,
            Pesole,G., Petrovsky,N., Piazza,S., Reed,J., Reid,J.F., Ring,B.Z.,
            Ringwald,M., Rost,B., Ruan,Y., Salzberg,S.L., Sandelin,A.,
            Schneider,C., Schonbach,C., Sekiguchi,K., Semple,C.A., Seno,S.,
            Sessa,L., Sheng,Y., Shibata,Y., Shimada,H., Shimada,K., Silva,D.,
            Sinclair,B., Sperling,S., Stupka,E., Sugiura,K., Sultana,R.,
            Takenaka,Y., Taki,K., Tammoja,K., Tan,S.L., Tang,S., Taylor,M.S.,
            Tegner,J., Teichmann,S.A., Ueda,H.R., van Nimwegen,E., Verardo,R.,
            Wei,C.L., Yagi,K., Yamanishi,H., Zabarovsky,E., Zhu,S., Zimmer,A.,
            Hide,W., Bult,C., Grimmond,S.M., Teasdale,R.D., Liu,E.T.,
            Brusic,V., Quackenbush,J., Wahlestedt,C., Mattick,J.S., Hume,D.A.,
            Kai,C., Sasaki,D., Tomaru,Y., Fukuda,S., Kanamori-Katayama,M.,
            Suzuki,M., Aoki,J., Arakawa,T., Iida,J., Imamura,K., Itoh,M.,
            Kato,T., Kawaji,H., Kawagashira,N., Kawashima,T., Kojima,M.,
            Kondo,S., Konno,H., Nakano,K., Ninomiya,N., Nishio,T., Okada,M.,
            Plessy,C., Shibata,K., Shiraki,T., Suzuki,S., Tagami,M., Waki,K.,
            Watahiki,A., Okamura-Oho,Y., Suzuki,H., Kawai,J. and Hayashizaki,Y.
  CONSRTM   FANTOM Consortium
  TITLE     The transcriptional landscape of the mammalian genome
  JOURNAL   Science 309 (5740), 1559-1563 (2005)
   PUBMED   16141072
REFERENCE   7
  AUTHORS   Katayama,S., Tomaru,Y., Kasukawa,T., Waki,K., Nakanishi,M.,
            Nakamura,M., Nishida,H., Yap,C.C., Suzuki,M., Kawai,J., Suzuki,H.,
            Carninci,P., Hayashizaki,Y., Wells,C., Frith,M., Ravasi,T.,
            Pang,K.C., Hallinan,J., Mattick,J., Hume,D.A., Lipovich,L.,
            Batalov,S., Engstrom,P.G., Mizuno,Y., Faghihi,M.A., Sandelin,A.,
            Chalk,A.M., Mottagui-Tabar,S., Liang,Z., Lenhard,B. and
            Wahlestedt,C.
  CONSRTM   RIKEN Genome Exploration Research Group
  TITLE     Antisense transcription in the mammalian transcriptome
  JOURNAL   Science 309 (5740), 1564-1566 (2005)
   PUBMED   16141073
REFERENCE   8  (bases 1 to 1078)
  AUTHORS   Arakawa,T., Carninci,P., Fukuda,S., Hashizume,W., Hayashida,K.,
            Hori,F., Iida,J., Imamura,K., Imotani,K., Itoh,M., Kanagawa,S.,
            Kawai,J., Kojima,M., Konno,H., Murata,M., Nakamura,M., Ninomiya,N.,
            Nishiyori,H., Nomura,K., Ohno,M., Sakazume,N., Sano,H., Sasaki,D.,
            Shibata,K., Shiraki,T., Tagami,M., Tagami,Y., Waki,K., Watahiki,A.,
            Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (14-APR-2004) Yoshihide Hayashizaki, The Institute of
            Physical and Chemical Research (RIKEN), Laboratory for Genome
            Exploration Research Group, RIKEN Genomic Sciences Center (GSC),
            RIKEN Yokohama Institute; 1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama,
            Kanagawa, 230-0045, Japan (E-mail:genome-res@gsc.riken.jp,
            URL:http://genome.gsc.riken.jp/, Tel:81-45-503-9222,
            Fax:81-45-503-9216)
COMMENT     cDNA library was prepared and sequenced in Mouse Genome
            Encyclopedia Project of Genome Exploration Research Group in Riken
            Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in RIKEN.
            Division of Experimental Animal Research in Riken contributed to
            prepare mouse tissues.
            Please visit our web site for further details.
            URL:http://genome.gsc.riken.jp/
            URL:http://fantom.gsc.riken.jp/.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .1078
```

```
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="FANTOM_DB:B020015H19"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="B020015H19"
                     /tissue_type="egg"
                     /clone_lib="RIKEN full-length enriched mouse cDNA library"
                     /dev_stage="2 cells"
     misc_feature    1. .1078
                     /note="Tankyrase 2 (EC 2.4.2.30) (TANK2) (Tankyrase II)
                     (TNKS-2) (TRF1- interacting ankyrin-related ADP-ribose
                     polymerase 2) (Tankyrase-like protein) (Tankyrase-related
                     protein) homolog [Homo sapiens] (UniProt|Q9H2K2, evidence:
                     FASTY, 94.7%ID, 22.7%length, match=794)
                     putative"
ORIGIN

  Query Match             20.4%;  Score 777.2;  DB 6;  Length 1078;
  Best Local Similarity   91.1%;  Pred. No. 2.6e-193;
  Matches  848;  Conservative    0;  Mismatches   79;  Indels    4;  Gaps    2;

Qy          94 TGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGGCCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCC 153
               ||||||| ||||||  ||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||||
Db           2 TGACAGCGGGGAGCGGAGCGGCCCGGGCCCTGAGCGCGTCTCCTGCGGGGGGCCTCGCCC 61

Qy         154 TCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGCTCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCT---GGCTGTGG 210
               |||||||||||||||| ||||||||||| |  |||||||||||| ||||   ||| | ||
Db          62 TCCTGCTCGCGGGGCCCGGGCTCCTGCTGCCTTTGCTGGCGCTGCTGCTGGCGGCGGCGG 121

Qy         211 CGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCTGCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCG 270
               |||||||| |||||||||| || |||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Db         122 CGGCGGCCCGGATCATGTCTGGCCGCCGCTGCGCCGGCGGGGGCGCGGCCTGCGCGAGCG 181

Qy         271 CCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGG 330
               ||| ||||||||||||||||||| ||||||| |||||||||||||| ||||||| |||||
Db         182 CCGGGGCCGAGGCCGTGGAGCCGTCCGCCCGCGAGCTGTTCGAGGCTTGCCGCATCGGGG 241

Qy         331 ACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGG 390
               ||||||| ||||||| ||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db         242 ACGTGGAGCGAGTCATGAGGCTGGTGACGCCCGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGG 301

Qy         391 GCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAAT 450
               ||||||| ||||||||||| | ||||| ||| |||||||| ||||  || ||||||||||
Db         302 GCAGGAAGTCCACCCCGCTTCTCTTCGTCGCTGGTTTTGGACGGATGGATGTAGTTGAAT 361

Qy         451 ATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTC 510
                | | |||||||| |||||  |||| | ||| |||||||||||||| |||||||||||||
Db         362 CTCTTCTTCAGAACGGTGCTNATGTGCTAGCGCGTGATGATGGGGGTCTTATTCCTCTTC 421

Qy         511 ATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAG 570
                | | ||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||| | ||| |||||||
Db         422 -TTACGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTTCTTTTACAACACGGTGCAG 480

Qy         571 ACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAA 630
               |||| |||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         481 ACCCAAATGCTCGGGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAA 540

Qy         631 AGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAG 690
               | |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         541 AAATTGATGTTTGCATTGTGCTTTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAG 600

Qy         691 ATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAAT 750
               |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||| || || |||||||| |
Db         601 ATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGACCCATCTGCCAAAGCTGTTCTGACTGGTGACT 660

Qy         751 ATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTC 810
               ||||||||||||||||  | ||||||||||||||||||||||| |||||||||||||| |
Db         661 ATAAGAAAGATGAACTTCTGGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAGGAAAAAATGATGGCCC 720

Qy         811 TACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTAC 870
               | || |||||||| |||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||| |
Db         721 TGCTTACACCATTGAATGTCAACTGCCATGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTGC 780
```

```
Qy         871 ATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTG 930
               |||||||||||||||| ||||||||||| |||||||| ||||||||||| |||| |||||
Db         781 ATTTGGCAGCAGGATACAACAGAGTAAAAATTGTACAACTGTTACTGCACCATGGGGCTG 840

Qy         931 ATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTC 990
               |||||||||||||||||||||| |||||||||||| ||||||||||||| ||||| ||||
Db         841 ATGTCCATGCTAAAGATAAAGGGGATCTGGTACCACTACACAATGCCTGCTCTTACGGTC 900

Qy         991 ATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1021
               |||||||||||||||||||| |||||||| |
Db         901 ATTATGAAGTAACTGAACTTCTGGTCAAGGA 931


RESULT 11
DT808067
LOCUS       DT808067                 898 bp    mRNA    linear   EST 12-OCT-2005
DEFINITION  LB0173.CR_I04 GC_BGC-17 Bos taurus cDNA clone IMAGE:8121774 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   DT808067
VERSION     DT808067.1  GI:75739943
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Bos taurus (cattle)
  ORGANISM  Bos taurus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Cetartiodactyla; Ruminantia;
            Pecora; Bovidae; Bovinae; Bos.
REFERENCE   1  (bases 1 to 898)
  AUTHORS   Moore,S., Alexander,L., Brownstein,M., Guan,L., Lobo,S., Meng,Y.,
            Tanaguchi,M., Wang,Z., Yu,J., Prange,C., Schreiber,K., Shenmen,C.,
            Wagner,L., Bala,M., Barbazuk,S., Barber,S., Babakaiff,R.,
            Beland,J., Chun,E., Del Rio,L., Gibson,S., Hanson,R.,
            Kirkpatrick,R., Liu,J., Matsuo,C., Mayo,M., Santos,R.R., Stott,J.,
            Tsai,M., Wong,D., Siddiqui,A., Holt,R., Jones,S.J. and Marra,M.A.
  TITLE     Bovine Genome Sequencing Program: Full-length cDNA Sequencing
  JOURNAL   Unpublished (2005)
COMMENT     Contact: Robert Kirkpatrick
            Canada's Michael Smith Genome Sciences Centre
            BC Cancer Agency
            Suite 100, 570 West 7th Avenue, Vancouver, British Columbia,
            Canada, V5Z 4S6
            Tel: 1-604-707-5900 x5406
            Fax: 1-604-876-3561
            Email: robertk@bcgsc.ca
            Plate: LB0173  row: I  column: 4
            High quality sequence stop: 898.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .898
                     /organism="Bos taurus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="L1 Hereford"
                     /db_xref="taxon:9913"
                     /clone="IMAGE:8121774"
                     /sex="male"
                     /tissue_type="Ascending colon"
                     /dev_stage="6 months old fetus"
                     /lab_host="E. coli DH10B T1 Phage Resistant"
                     /clone_lib="GC_BGC-17"
                     /note="Organ: Ascending colon; Vector: pExpress 1; Site_1:
                     Blunt (5' end of cDNA); Site_2: NotI (3' end of cDNA)"
ORIGIN

  Query Match             20.2%;  Score 770.6;  DB 10;  Length 898;
  Best Local Similarity   92.1%;  Pred. No. 1.4e-191;
  Matches  824;  Conservative    0;  Mismatches   69;  Indels    2;  Gaps    1;

Qy        2920 TCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATG 2979
               |||| ||||||||||||||||||||||| ||||||||| |||| ||||| ||||||||||
Db           1 TCACGTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGACACAAGGAGTTGAAAGAGATCGGAATCAATG 60

Qy        2980 CTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAG 3039
               |||| |||||||| |||||||||||||||||||| |||||||||||||| ||||||||||
Db          61 CTTACGGACATAGACACAAACTAATTAAAGGAGTTGAGAGACTTATCTCTGGACAACAAG 120
```

```
Qy       3040 GTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGT 3099
              ||||||||||||| |||||| ||||||||||||| |||||||||||||| || |||||||
Db        121 GTCTTAACCCATACTTAACTCTGAACACCTCTGGAAGTGGAACAATTCTCATTGATCTGT 180

Qy       3100 CTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGC 3159
              || |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||| |||||||
Db        181 CTGCTGAAGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAGAGTACAGTCCGAGAGC 240

Qy       3160 ACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGA 3219
              |||||||||||||||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACAGAGATGGAGGTCACGCAGGTGGGATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGA 300

Qy       3220 AGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAG 3279
              | |||||||||||||||||||||||||||||||||||  |||||||||||||||||||||
Db        301 AAGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCATAGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAG 360

Qy       3280 AAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAA 3339
              |||||||||||||||| |||||| |||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db        361 AAAACCACAACCATGCAAATGAAAGAATGCTATTTCATGGGTCTCCCTTTGTGAATGCAA 420

Qy       3340 TTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCA 3399
              ||||||| ||||||||||||||||||||||| ||||||||||| |||||||||||||| |
Db        421 TTATCCATAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCCTACATAGGTGGCATGTTTGGAGCTGGGA 480

Qy       3400 TTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTA 3459
              | |||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Db        481 TCTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAGTATGTATATGGAATTGGAGGAGGTA 540

Qy       3460 CTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTT 3519
              |||| |||||||| || |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||| |
Db        541 CTGGATGTCCAGTACATAAAGACAGATCTTGTTACATCTGCCACAGGCAGCTGCTCTTCT 600

Qy       3520 GCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTC 3579
              |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Db        601 GCCGTGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCGCATTCTC 660

Qy       3580 CTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAAT 3639
              ||||||| |||||||||||||||||  | || |||||||| ||||||||||||||||| |
Db        661 CTCCAGGCCATCACTCAGTCACTGGCCGACCTAGTGTAAACGGCCTAGCATTAGCTGAGT 720

Qy       3640 ATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGA 3699
              ||||||| |||||||| || |||||||||||||| ||||||||||||||||||||| | |
Db        721 ATGTTATCTACAGAGGCGAGCAGGCTTATCCTGAATATTTAATTACTTACCAGATTGTAA 780

Qy       3700 GGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCT 3759
              |||||||||||||||| ||||| ||||||||| ||||| |||||||   |||| ||||||
Db        781 GGCCTGAAGGTATGGTTGATGGGTAAATAGTTGTTTTAGGAAACTAGCACCACCGAACCT 840

Qy       3760 AAAATCATCAAAGCAGCAG--TGGCCTCTACGTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAA 3812
              ||||||||| ||||||| |   | |   || ||||||||||||||||| |||||
Db        841 AAAATCATCTAAGCAGCTGGTGGCCTCGTAAGTTTACTCCTTTGCTGAGAAAAA 895

RESULT 12
CK847047/c
LOCUS       CK847047                 834 bp    mRNA    linear   EST 05-MAR-2004
DEFINITION  969630 MARC 4BOV Bos taurus cDNA 3', mRNA sequence.
ACCESSION   CK847047
VERSION     CK847047.1  GI:45208162
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Bos taurus (cattle)
  ORGANISM  Bos taurus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Cetartiodactyla; Ruminantia;
            Pecora; Bovidae; Bovinae; Bos.
REFERENCE   1  (bases 1 to 834)
  AUTHORS   Smith,T.P.L., Grosse,W.M., Freking,B.A., Roberts,A.J., Stone,R.T.,
            Casas,E., Wray,J.E., White,J., Cho,J., Fahrenkrug,S.C.,
            Bennett,G.L., Heaton,M.P., Laegreid,W.W., Rohrer,G.A.,
            Chitko-McKown,C.G., Pertea,G., Holt,I., Karamycheva,S., Liang,F.,
            Quackenbush,J. and Keele,J.W.
  TITLE     Sequence evaluation of four pooled-tissue normalized bovine cDNA
            libraries and construction of a gene index for cattle
  JOURNAL   Genome Res. 11 (4), 626-630 (2001)
   PUBMED   11282978
COMMENT     Contact: Smith TPL
            USDA, ARS, US Meat Animal Research Center
            PO Box 166, Clay Center, NE 68933-0166, USA
            Tel: 402 762 4366
            Fax: 402 762 4390
            Email: smith@email.marc.usda.gov
            Single pass sequencing. Bases called with phred v0.020425.c and
            trimmed with the aid of the trim_alt option. Vector identified with
            cross_match v0.990329.
            Plate: 98  row: I  column: 7
            Seq primer: GTAATACGACTCACTATAGGG.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..834
                     /organism="Bos taurus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9913"
                     /tissue_type="pooled"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="MARC 4BOV"
                     /note="Vector: pCMV SPORT6; Site_1: NotI; Site_2: SalI;
                     Library made from pooled tissue from day 20 and day 40
                     embryos."
ORIGIN

  Query Match             20.1%;  Score 766.8;  DB 5;  Length 834;
  Best Local Similarity   95.0%;  Pred. No. 1.3e-190;
  Matches  792;  Conservative    0;  Mismatches   42;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1247 AGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCC 1306
              |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||
Db        834 AGCTGATGTTACACGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAACTTTAAGCATCC 775

Qy       1307 TCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCA 1366
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        774 TCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCA 715

Qy       1367 AATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTT 1426
              |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db        714 AATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCCAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTT 655

Qy       1427 GACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAA 1486
              |||||||||||||||||| ||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db        654 GACTCCTCTGCACGTGGCTTCTGAGAAAGCTCATAACGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAA 595

Qy       1487 ACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGC 1546
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | |||||||||||
Db        594 ACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTTTGCACAGAGCTGC 535

Qy       1547 ATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACAT 1606
              | ||||||||||||| |||||||||||| |||||||||||||||| ||||||||||||||
Db        534 ACATTGTGGTCATCTGCAAACCTGCCGCTTACTCCTGAGCTATGGATGTGATCCTAACAT 475

Qy       1607 TATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCT 1666
              |||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||| |||||||| ||
Db        474 TATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCCTTACAGATGGGAAATGAAAATGTGCAGCAACTTCT 415

Qy       1667 CCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAA 1726
               |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Db        414 TCAAGAGGGTATCCCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAGTTGCTGGAAGCTGCAAA 355

Qy       1727 GGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGA 1786
              |||||||||||| ||||| ||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Db        354 GGCTGGAGATGTAGAAACCGTAAAAAAATTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGA 295

Qy       1787 CATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGT 1846
              ||||||||| |||||||||||||| || |||||||||||||| |||||  | ||||| ||
Db        294 CATTGAAGGACGTCAGTCTACACCGCTCCATTTTGCAGCTGGCTATAATCGGGTGTCTGT 235

Qy       1847 GGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGT 1906
              ||||||||||||||| || || |||||||| |||||||| ||||| ||||||||||||||
Db        234 GGTGGAATATCTGCTGCAACACGGAGCTGACGTGCATGCGAAAGACAAAGGAGGCCTTGT 175

Qy       1907 ACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACA 1966
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||| ||
Db        174 ACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAGCTTCTTGTTAAGCA 115

Qy       1967 TGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGC 2026
              |||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Db        114 TGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGACTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCTGCAGC 55

Qy       2027 AAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTAC 2080
               |||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||| ||
Db         54 CAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTTCAGCATGGTGCAGACCCCAC 1


RESULT 13
DN536421
LOCUS       DN536421                 848 bp    mRNA    linear   EST 11-MAR-2005
DEFINITION  1372517 MARC 7BOV Bos taurus cDNA 5', mRNA sequence.
ACCESSION   DN536421
VERSION     DN536421.1  GI:60988240
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Bos taurus (cattle)
  ORGANISM  Bos taurus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Cetartiodactyla; Ruminantia;
            Pecora; Bovidae; Bovinae; Bos.
REFERENCE   1  (bases 1 to 848)
  AUTHORS   Smith,T.P.L., Roberts,A.J., Echternkamp,S.E., Chitko-McKown,C.G.,
            Wray,J.E. and Keele,J.W.
  TITLE     A second set of bovine ESTs from pooled-tissue normalized libraries
  JOURNAL   Unpublished (2003)
COMMENT     Contact: Smith TPL
            USDA, ARS, US Meat Animal Research Center
            PO Box 166, Clay Center, NE 68933-0166, USA
            Tel: 402 762 4366
            Fax: 402 762 4390
            Email: smith@email.marc.usda.gov
            Single pass sequencing. Bases called with phred v0.020425.c and
            trimmed with the aid of the trim_alt option. Vector identified with
            cross_match v0.990329.
            Plate: RLK8064  row: G  column: 17
            Seq primer: GTAATACGACTCACTATAGGG.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..848
                     /organism="Bos taurus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9913"
                     /tissue_type="pooled"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="MARC 7BOV"
                     /note="Vector: pcDNA3.1; Site_1: EcoRI; Site_2: NotI;
                     Library made with RNA pooled from multiple tissues
                     including ovary, hindbrain, uterus, and day-30 whole
                     embryos."
ORIGIN

  Query Match             18.6%;  Score 709;  DB 9;  Length 848;
  Best Local Similarity   91.5%;  Pred. No. 2.6e-175;
  Matches  762;  Conservative    0;  Mismatches   70;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy       1608 ATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTC 1667
              | ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||| |||||||| ||
Db         15 AGATCCCTTCAGGGCTTTACTGCCTTACAGATGGGAAATGAAAATGTGCAGCAACTTCTT 74

Qy       1668 CAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAG 1727
              |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Db         75 CAAGAGGGTATCCCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAGTTGCTGGAAGCTGCAAAG 134

Qy       1728 GCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGAC 1787
              ||||||||||| ||||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        135 GCTGGAGATGTAGAAACCGTAAAAAAATTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGAC 194

Qy       1788 ATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTG 1847
              |||||||| |||||||||||||| || |||||||||||||| |||||  |  ||||| |||
Db        195 ATTGAAGGACGTCAGTCTACACCGCTCCATTTTGCAGCTGGCTATAATCGGGTGTCTGTG 254

Qy       1848 GTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTA 1907
              |||||||||||||| || || |||||||| |||||||| ||||| |||||||||||||||
Db        255 GTGGAATATCTGCTGCAACACGGAGCTGACGTGCATGCGAAAGACAAAGGAGGCCTTGTA 314

Qy       1908 CCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACAT 1967
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||| |||
Db        315 CCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAGCTTCTTGTTAAGCAT 374

Qy       1968 GGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCA 2027
              ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Db        375 GGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGACTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCTGCAGCC 434

Qy       2028 AAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAA 2087
              |||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||| || || |||
Db        435 AAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTTCAGCATGGTGCAGACCCCACAAAGAAA 494

Qy       2088 AACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGAT 2147
              ||||| |||||||| || ||||||||||| || ||||| ||||||||||||||||| |||
Db        495 AACAGAGATGGAAACACCCCTTTGGATCTGGTGAAAGAAGGAGATACAGATATTCAGGAT 554

Qy       2148 CTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTG 2207
              |||||| ||||||||||||||||  | ||||||||||||||||| ||||| ||||||||
Db        555 CTGCTTCGGGGAGATGCAGCTTTATTGGATGCTGCCAAGAAGGGCTGTTTGGCCAGAGTA 614

Qy       2208 AAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACA 2267
              |||||| ||||||| || ||||||||||| ||||| |||||||||||| | |||||||||
Db        615 AAGAAGCTGTCTTCACCAGATAATGTAAACTGCCGTGATACCCAAGGCCGGCATTCAACA 674

Qy       2268 CCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACAC 2327
              || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||| |  |||| ||
Db        675 CCCTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCGGAATATCTCCTACAGCAT 734

Qy       2328 GGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCT 2387
              ||||||||||||||||| || ||||||||||||||||| |||||||| ||||||||||||
Db        735 GGAGCTGATGTGAATGCTCAGGACAAAGGAGGACTTATCCCTTTACACAATGCAGCATCT 794

Qy       2388 TACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAA 2440
              ||||| |||||||||||||||||| | |||||||| |||||||| ||||||||
Db        795 TACGGCCATGTAGATGTAGCAGCTTTGCTAATAAA-TATAATGCGTGTGTCAA 846


RESULT 14
DA733094
LOCUS       DA733094                 819 bp    mRNA    linear   EST 09-NOV-2005
DEFINITION  DA733094 NT2RP2 Homo sapiens cDNA clone NT2RP2002155 5', mRNA
            sequence.
ACCESSION   DA733094
VERSION     DA733094.1  GI:81281747
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 819)
  AUTHORS   Kimura,K., Wakamatsu,A., Suzuki,Y., Ota,T., Nishikawa,T.,
            Yamashita,R., Yamamoto,J., Sekine,M., Tsuritani,K., Wakaguri,H.,
            Ishii,S., Sugiyama,T., Saito,K., Isono,Y., Irie,R., Kushida,N.,
            Yoneyama,T., Otsuka,R., Kanda,K., Yokoi,T., Kondo,H., Wagatsuma,M.,
            Murakawa,K., Ishida,S., Ishibashi,T., Takahashi-Fujii,A.,
            Tanase,T., Nagai,K., Kikuchi,H., Nakai,K., Isogai,T. and Sugano,S.
  TITLE     Diversification of Transcriptional Modulation: Large-scale
            Identification and Characterization of Putative Alternative
            Promoters of Human Genes
  JOURNAL   Genome Res. 16 (1), 55-65 (2006)
   PUBMED   16344560
COMMENT     Contact: Takao Isogai
            FLJ Project (HRI Team)
            Helix Research Institute
            2-6-7 Kazusa-Kamatari, Kisarazu, Chiba, 292-0818, Japan
            Tel: 81-438-52-3975
            Fax: 81-438-52-3986
            Email: flj-cdna@nifty.com
            HRI human cDNA project; 5'- & 3'-end one pass sequencing: Helix
            Research Institute (HRI); cDNA library construction: Department of
            Virology, Institute of Medical Science, University of Tokyo, and
            HRI.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..819
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="NT2RP2002155"
                     /cell_type="teratocarcinoma"
                     /cell_line="NT2"
                     /clone_lib="NT2RP2"
                     /note="Vector: pME18SFL3; mRNA from NT2 neuronal precursor
                     cells after 2-weeks retinoic acid (RA) induction"
ORIGIN

  Query Match             18.2%;  Score 692.8;  DB 9;  Length 819;
  Best Local Similarity   93.0%;  Pred. No. 4.8e-171;
  Matches  763;  Conservative    0;  Mismatches   52;  Indels    5;  Gaps    4;

Qy       1544 TGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAA 1603
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 TGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAA 60

Qy       1604 CATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACT 1663
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 CATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACT 120

Qy       1664 CCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGC 1723
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGC 180

Qy       1724 AAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAG 1783
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 AAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAG 240

Qy       1784 AGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTC 1843
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 AGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTC 300

Qy       1844 CGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCT 1903
              |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGANCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCT 360

Qy       1904 TGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAA 1963
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 TGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAA 420

Qy       1964 ACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGC 2023
              |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 ACATGGAGCAGTAGTTAATGTANCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGC 480

Qy       2024 AGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAA 2083
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Db        481 AGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAA 540

Qy       2084 AAAAAACAGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGAT-GGAGATACAGATATTC 2142
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Db        541 AAAAAACAGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGGAGATACAGATATTC 600

Qy       2143 AAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAG--AAGGGTTGTTTAGC 2200
               | ||||||||| |||| ||||| |||||||| ||||||||||   ||||||  || | |
Db        601 CANATCTGCTTANGGGAAATGCA-CTTTGCTAAATGCTGCCAANAAAAGGGTGTTTAACC 659

Qy       2201 CAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACA 2260
                 | |||| || ||||||||| |||||||||| |||||||||||||||| | |   |
Db        660 ANAAATGAAAAAATTGTCTTCTACTGATAATGTTAATTGCCGCGATACCCCAAGGCAAAC 719

Qy       2261 TTCAACACCTTTACATTT-AGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGT 2319
              ||| |||||||||||||| | || ||||||||||||||||| || ||||| | |||||||
Db        720 TTCCACACCTTTACATTTAANCANCTGGTTATAATAATTTAAAAATTGCAAAATATTTGT 779

Qy       2320 TACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGG 2359
              |||| |  | |     | | |   ||||  |||||||| |
Db        780 TACACCCNGAACTAATTTTAATGCCCCANAACAAAGGAAG 819


RESULT 15
CB183123
LOCUS       CB183123                 955 bp    mRNA    linear   EST 31-JAN-2003
DEFINITION  AGENCOURT_11385409 NIH_MGC_164 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:30244272 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CB183123
VERSION     CB183123.1  GI:28181571
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia;
            Sciurognathi; Muroidea; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 955)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Dr. David Rowe and Dr. Mina
             cDNA Library Preparation: Invitrogen Corp
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Agencourt Bioscience Corporation
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
            Plate: NDAM0316  row: o  column: 01
            High quality sequence stop: 779.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..955
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:30244272"
                     /lab_host="DH10B (phage-resistant)"
                     /clone_lib="NIH_MGC_164"
                     /note="Vector: pCMV-SPORT6.1; Site_1: EcoRV; Site_2: NotI;
                     Non-normalized full-length enriched library from pooled
                     mouse embryonic limb, maxilla and mandible, day 10.5 and
                     11.5 (size selected for the 0.5-1 kb fragments) Cloned
                     directionally, priming method: Oligo-dT.  cDNA enrichment:
                     >1k bp, Average insert size 1.8k bp. Priming sequence:
                     5'GACTAGTTCTAGATCGCGAGCGGCCGCCC(T) 3'. Tissue contributed
                     by, David Rowe. Library constructed by ResGen, Invitrogen
                     Corp."
ORIGIN

  Query Match             18.0%;  Score 687.8;  DB 4;  Length 955;
  Best Local Similarity   88.5%;  Pred. No. 1.1e-169;
  Matches  768;  Conservative    0;  Mismatches   98;  Indels    2;  Gaps    2;

Qy       2835 GTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTA 2894
              | | ||||| | |||||||| |||||||| ||| ||||||| ||||||||||||||| |
Db          1 GATTCAGGAATCGATTTTAGTATAACTCAGTTCATAAGGAACCTTGGACTTGAGCACTTG 60

Qy       2895 ATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAG 2954
              |||||||||||||||||||||||||| || || |||||  ||||||| ||||| ||||||
Db         61 ATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATTACCTTAGATGTCCTAGTTGAAATGGGCCACAAG 120

Qy       2955 GAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTC 3014
              || ||||| ||||||||||||||||| ||||||||| | ||||| || |||||||||||
Db        121 GAACTGAAAGAGATTGGAATCAATGCCTATGGACATCGACACAAGCTGATTAAAGGAGTT 180

Qy       3015 GAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGT 3074
```

```
              || || || ||||| ||||||||||||||||| |||||||||||| | |||| |||||||
Db        181 GAAAGGCTGATCTCTGGACAACAAGGTCTTAATCCATATTTAACTCTAAACAACTCTGGT 240

Qy       3075 AGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAA 3134
              |||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||| |||
Db        241 AGTGGAACAATTCTCATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAATTTCAGTCTGTGGAAGAA 300

Qy       3135 GAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAAC 3194
              |||||||| ||||| || || |||||||||||||| ||||| ||||| ||  ||||||||
Db        301 GAGATGCAGAGTACTGTGCGGGAGCACAGAGATGGTGGTCACGCAGGCGGCGTCTTCAAC 360

Qy       3195 AGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACT 3254
              |||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||||||||||| ||
Db        361 AGATACAACATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAATTGTGGGAAAGATATACA 420

Qy       3255 CACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTT 3314
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||| | ||| |||||
Db        421 CACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCAAACGAAAGGATGTTATTT 480

Qy       3315 CATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTAC 3374
              ||||||||||||||||||||||| |||||||| || |||||||||||||||||||| |||
Db        481 CATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCGATTATCCATAAGGGCTTTGATGAAAGGCATGCATAC 540

Qy       3375 ATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAA 3434
              |||||||| |||||||||||||| |||||||||||||| |||||||||||||||||||||
Db        541 ATAGGTGGCATGTTTGGAGCTGGAATTTATTTTGCTGAGAACTCTTCCAAAAGCAATCAA 600

Qy       3435 TATGTATAT-GGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTA 3493
              ||||| ||| ||||||||||| || || || |||||| |||||||||||||||| |||||
Db        601 TATGTGTATNGGAATTGGAGGTGGCACCGGATGTCCAATTCACAAAGACAGATCGTGTTA 660

Qy       3494 CATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTT 3553
              |||||| |||||||||||||| ||||| || ||||||||||||||||||||| |||||||
Db        661 CATTTGTCACAGGCAGCTGCTGTTTTGTCGAGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCTTGCAGTT 720

Qy       3554 CAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAG 3613
              ||| |||||||||||||||||||||||||| || |||||||| ||||||||  |||||||
Db        721 CAGCGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCCGGCCATCACTCGGTCACTGGCCGGCCCAG 780

Qy       3614 TGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGA 3673
              ||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||
Db        781 TGTAAAT-GCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTATCCCTGA 839

Qy       3674 GTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGG 3701
                  |  | |||  |  || | | || |
Db        840 TATCTATACTACCAATGAGCTGANGATG 867

Search completed: December 19, 2006, 01:59:26
Job time : 16891.5 secs
```

```
                         GenCore version 5.1.9
              Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.


OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on:          December 18, 2006, 17:00:29 ; Search time 3873.64 Seconds
                                             (without alignments)
                                             12104.784 Million cell updates/sec

Title:           US-10-616-101-2
Perfect score:   3816
Sequence:        1 cgcgctgctccgcccgccgc..........cctttgctgaaaaaaaaaaa 3816

Scoring table:   IDENTITY_NUC
                 Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched:        18892170 seqs, 6143817638 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      37784340

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       Published_Applications_NA_Main:*
               1:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US07_PUBCOMB.seq:*
               2:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US08_PUBCOMB.seq:*
               3:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US09A_PUBCOMB.seq:*
               4:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US09B_PUBCOMB.seq:*
               5:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US09C_PUBCOMB.seq:*
               6:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US10A_PUBCOMB.seq:*
               7:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US10B_PUBCOMB.seq:*
               8:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US10C_PUBCOMB.seq:*
               9:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US10D_PUBCOMB.seq:*
               10:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US10E_PUBCOMB.seq:*
               11:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US10F_PUBCOMB.seq:*
               12:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US10G_PUBCOMB.seq:*
               13:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US11A_PUBCOMB.seq:*
               14:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US11B_PUBCOMB.seq:*
               15:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US11C_PUBCOMB.seq:*
               16:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpna/US11D_PUBCOMB.seq:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                                  SUMMARIES
                %
Result          Query
  No.   Score   Match Length DB  ID                         Description
  ---------------------------------------------------------------------------
     1    3816  100.0   3816  10  US-10-616-101-2             Sequence 2, Appli
     2  3791.4   99.4   4275  3  US-09-972-115A-5            Sequence 5, Appli
     3  3791.4   99.4   4406  7  US-10-199-937-106           Sequence 106, App
     4  3791.4   99.4   4992  7  US-10-199-937-134           Sequence 134, App
     5  3791.4   99.4   5002  7  US-10-199-937-132           Sequence 132, App
     6  3791.4   99.4   6189  10  US-10-898-653-5             Sequence 5, Appli
     7  3788.4   99.3   6018  3  US-09-849-602-11            Sequence 11, Appl
     8  3770.8   98.8   5075  8  US-10-302-172-556           Sequence 556, App
     9  3595.8   94.2   4127  7  US-10-199-937-100           Sequence 100, App
    10  3587.4   94.0   5778  6  US-10-163-587A-14           Sequence 14, Appl
    11  3504.8   91.8   3508  7  US-10-199-937-1             Sequence 1, Appli
    12  3393.4   88.9   3797  10  US-10-616-101-1             Sequence 1, Appli
    13    3341   87.6   4297  3  US-09-972-115A-3            Sequence 3, Appli
    14    3297   86.4   3400  3  US-09-509-196A-1            Sequence 1, Appli
    15    3039   79.6   4493  3  US-09-972-115A-1            Sequence 1, Appli
    16  2439.8   63.9   2971  7  US-10-199-937-92            Sequence 92, Appl
    17  2439.8   63.9   3353  7  US-10-199-937-88            Sequence 88, Appl
```

```
       18  2357.8   61.8   3799  7  US-10-199-937-90            Sequence 90, Appl
       19    1885   49.4   3984  7  US-10-199-937-3             Sequence 3, Appli
       20    1885   49.4   4134  3  US-09-841-835-1             Sequence 1, Appli
       21    1885   49.4   4134  3  US-09-972-115A-7            Sequence 7, Appli
       22    1568   41.1   1568  7  US-10-199-937-98            Sequence 98, Appl
       23  1533.8   40.2   4435  7  US-10-252-157-342           Sequence 342, App
       24  1521.2   39.9   4491  3  US-09-841-835-7             Sequence 7, Appli
       25  1521.2   39.9   4491  10  US-10-898-653-4             Sequence 4, Appli
       26  1369.4   35.9   4657  3  US-09-841-835-9             Sequence 9, Appli
       27  1240.4   32.5   1466  8  US-10-276-774-340           Sequence 340, App
       28  1192.6   31.3   2409  3  US-09-964-899-40            Sequence 40, Appl
       29  1192.6   31.3   2409  10  US-10-975-523-40            Sequence 40, Appl
       30  1168.4   30.6   3308  7  US-10-199-937-177           Sequence 177, App
       31  1084.8   28.4   1103  7  US-10-199-937-159           Sequence 159, App
       32  1068.4   28.0   5484  13  US-11-097-143-9473          Sequence 9473, Ap
       33  1066.8   28.0   5482  7  US-10-199-937-138           Sequence 138, App
       34   794.4   20.8    797  7  US-10-252-157-341           Sequence 341, App
    c  35   749.6   19.6  10194  13  US-11-097-143-9472          Sequence 9472, Ap
       36     574   15.0    582  7  US-10-199-937-45            Sequence 45, Appl
       37   563.6   14.8    647  7  US-10-199-937-104           Sequence 104, App
    c  38   518.4   13.6    520  3  US-09-972-115A-10           Sequence 10, Appl
       39     459   12.0    460  6  US-10-106-698-2223          Sequence 2223, Ap
       40     459   12.0    460  7  US-10-199-937-5             Sequence 5, Appli
       41   396.8   10.4    402  7  US-10-181-447A-11           Sequence 11, Appl
       42   380.4   10.0    384  3  US-09-972-115A-9            Sequence 9, Appli
       43     368    9.6    441  3  US-09-918-995-17041         Sequence 17041, A
       44   359.6    9.4   1691  7  US-10-199-937-41            Sequence 41, Appl
       45   359.6    9.4   1692  7  US-10-199-937-43            Sequence 43, Appl


                                  ALIGNMENTS


RESULT 1
US-10-616-101-2
; Sequence 2, Application US/10616101
; Publication No. US20050074825A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  APPLICANT:  Ossovskaya, Valeria
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods c
;  FILE REFERENCE: RIGL-010CIP3
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/616,101
;  CURRENT FILING DATE:  2003-07-08
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/843,159
;  PRIOR FILING DATE: 2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 19
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 2
;   LENGTH: 3816
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-616-101-2

  Query Match              100.0%;  Score 3816;  DB 10;  Length 3816;
  Best Local Similarity    100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 3816;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGCAGCCGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGCAGCCGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
```

```
Qy      121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180

Qy      181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240

Qy      241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300

Qy      301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360

Qy      361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420

Qy      421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480

Qy      481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540

Qy      541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600

Qy      601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660

Qy      661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720

Qy      721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780

Qy      781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840

Qy      841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900

Qy      901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960

Qy      961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020

Qy     1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080

Qy     1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140

Qy     1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200

Qy     1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260

Qy     1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320

Qy     1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380

Qy     1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440

Qy     1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500

Qy     1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560

Qy     1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620

Qy     1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680

Qy     1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740

Qy     1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800

Qy     1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860

Qy     1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920

Qy     1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980

Qy     1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040

Qy     2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100

Qy     2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160

Qy     2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220

Qy     2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280

Qy     2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340

Qy         2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400

Qy         2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460

Qy         2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520

Qy         2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580

Qy         2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640

Qy         2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700

Qy         2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760

Qy         2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820

Qy         2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880

Qy         2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940

Qy         2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000

Qy         3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060

Qy         3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120

Qy         3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180

Qy         3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240

Qy         3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300

Qy         3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360

Qy         3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420

Qy         3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480

Qy         3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540

Qy         3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600

Qy         3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660

Qy         3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720

Qy         3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780

Qy         3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAAA 3816
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAAA 3816


RESULT 2
US-09-972-115A-5
; Sequence 5, Application US/09972115A
; Publication No. US20030032769A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:  Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 5
;   LENGTH: 4275
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (284)..(3781)
;   OTHER INFORMATION:
US-09-972-115A-5

  Query Match             99.4%;  Score 3791.4;  DB 3;  Length 4275;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy            1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
                ||||||||  |  ||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db           61 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCATCGAGGGGCGCGCG 120

Qy           61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
                ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          121 TGGGCGCGG-CCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 179

Qy          121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   180 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 239

Qy   181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   240 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 299

Qy   241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   300 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 359

Qy   301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   360 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 419

Qy   361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   420 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 479

Qy   421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   480 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 539

Qy   481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   540 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 599

Qy   541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   600 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 659

Qy   601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   660 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 719

Qy   661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   720 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 779

Qy   721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   780 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 839

Qy   781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   840 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 899

Qy   841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   900 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 959

Qy   901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   960 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1019

Qy   961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1020 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1079

Qy  1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1080 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1139

Qy  1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1140 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1199

Qy  1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1200 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1259

Qy  1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1260 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1319

Qy  1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1320 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1379

Qy  1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1380 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1439

Qy  1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1440 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1499

Qy  1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1500 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1559

Qy  1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1560 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1619

Qy  1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1620 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1679

Qy  1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1680 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1739

Qy  1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1740 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1799

Qy  1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1800 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1859

Qy  1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1860 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1919

Qy  1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1920 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1979

Qy  1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1980 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2039

Qy  1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2040 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2099

Qy  2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db  2100 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2159

Qy  2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2160 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2219

Qy  2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2220 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2279

Qy  2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2280 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2339

Qy  2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2340 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2399
```

```
Qy       2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGCATGTAG 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2400 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGCATGTAG 2459

Qy       2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2460 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2519

Qy       2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2520 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2579

Qy       2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2580 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2639

Qy       2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2640 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2699

Qy       2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2700 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2759

Qy       2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2760 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2819

Qy       2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2820 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2879

Qy       2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2880 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2939

Qy       2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2940 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2999

Qy       2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3000 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3059

Qy       3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3060 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3119

Qy       3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3120 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3179

Qy       3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3180 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3239

Qy       3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3240 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3299

Qy       3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3300 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3359

Qy       3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3360 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3419

Qy       3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3420 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3479

Qy       3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3480 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3539

Qy       3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3540 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3599

Qy       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3600 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3659

Qy       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3660 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3719

Qy       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3720 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3779

Qy       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3780 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3839

Qy       3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
              |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3840 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3872
```

```
RESULT 3
US-10-199-937-106
; Sequence 106, Application US/10199937
; Publication No. US20030190739A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Christenson, Erik
;  APPLICANT:  DeMaggio, Anthony J.
;  APPLICANT:  Goldman, Phyllis S.
;  APPLICANT:  McElligott, David L.
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE2 MATERIALS AND METHODS
;  FILE REFERENCE: 27866/36559
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/199,937
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/606,035
;  PRIOR FILING DATE: 2000-06-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/141,582
;  PRIOR FILING DATE: 1999-06-29
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 106
;   LENGTH: 4406
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (2)..(3787)
US-10-199-937-106

  Query Match             99.4%;  Score 3791.4;  DB 7;  Length 4406;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         67 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 126

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        127 TGGGCGCGG-CCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 185

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        186 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 245

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
```

```
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    246 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 305

Qy    241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    306 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 365

Qy    301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    366 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 425

Qy    361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    426 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 485

Qy    421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    486 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 545

Qy    481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    546 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 605

Qy    541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    606 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 665

Qy    601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    666 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 725

Qy    661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    726 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 785

Qy    721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    786 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 845

Qy    781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    846 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 905

Qy    841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    906 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 965

Qy    901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    966 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1025

Qy    961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1026 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1085

Qy   1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1086 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1145

Qy   1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1146 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1205

Qy   1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1206 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1265

Qy   1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1266 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1325

Qy   1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1326 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1385

Qy   1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1386 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1445

Qy   1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1446 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1505

Qy   1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1506 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1565

Qy   1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1566 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1625

Qy   1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1626 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1685

Qy   1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1686 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1745

Qy   1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1746 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1805

Qy   1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1806 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1865

Qy   1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1866 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1925

Qy   1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1926 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1985

Qy   1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1986 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2045

Qy   1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2046 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2105

Qy   2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db   2106 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2165

Qy   2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2166 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2225

Qy   2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2226 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2285

Qy   2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2286 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2345

Qy   2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2346 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2405

Qy   2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2406 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2465
```

```
Qy          2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2466 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2525

Qy          2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2526 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2585

Qy          2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2586 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2645

Qy          2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
                 |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2646 CAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2705

Qy          2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2706 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2765

Qy          2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2766 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2825

Qy          2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2826 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2885

Qy          2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2886 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2945

Qy          2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2946 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 3005

Qy          2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3006 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3065

Qy          3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3066 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3125

Qy          3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3126 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3185

Qy          3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3186 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3245

Qy          3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3246 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3305

Qy          3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3306 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3365

Qy          3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3366 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3425

Qy          3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3426 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3485

Qy          3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3486 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3545

Qy          3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3546 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3605

Qy          3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3606 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3665

Qy          3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3666 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3725

Qy          3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3726 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3785

Qy          3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3786 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3845

Qy          3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3846 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3878


RESULT 4
US-10-199-937-134
; Sequence 134, Application US/10199937
; Publication No. US20030190739A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Christenson, Erik
;  APPLICANT:  DeMaggio, Anthony J.
;  APPLICANT:  Goldman, Phyllis S.
;  APPLICANT:  McElligott, David L.
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE2 MATERIALS AND METHODS
;  FILE REFERENCE: 27866/36559
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/199,937
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/606,035
;  PRIOR FILING DATE: 2000-06-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/141,582
;  PRIOR FILING DATE: 1999-06-29
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 134
;   LENGTH: 4992
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (876)..(4373)
US-10-199-937-134

  Query Match             99.4%;  Score 3791.4;  DB 7;  Length 4992;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy             1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
                 ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           653 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 712

Qy            61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
                 |||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           713 TGGGCGCGG-CCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 771

Qy           121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           772 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 831

Qy           181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           832 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 891
```

```
Qy     241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     892 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 951

Qy     301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     952 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 1011

Qy     361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1012 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 1071

Qy     421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1072 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 1131

Qy     481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1132 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 1191

Qy     541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1192 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 1251

Qy     601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1252 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 1311

Qy     661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1312 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 1371

Qy     721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1372 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 1431

Qy     781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1432 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 1491

Qy     841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1492 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 1551

Qy     901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1552 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1611

Qy     961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1612 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1671

Qy    1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1672 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1731

Qy    1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1732 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1791

Qy    1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1792 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1851

Qy    1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1852 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1911

Qy    1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1912 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1971

Qy    1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
```

```
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1972 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 2031

Qy    1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2032 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 2091

Qy    1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2092 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 2151

Qy    1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2152 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 2211

Qy    1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2212 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 2271

Qy    1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2272 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 2331

Qy    1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2332 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 2391

Qy    1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2392 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 2451

Qy    1801 AGTCTACACCACTTCATTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2452 AGTCTACACCACTTCATTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 2511

Qy    1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2512 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 2571

Qy    1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2572 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2631

Qy    1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2632 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2691

Qy    2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db    2692 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2751

Qy    2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2752 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2811

Qy    2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2812 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2871

Qy    2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2872 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2931

Qy    2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2932 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2991

Qy    2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2992 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 3051

Qy    2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3052 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 3111

Qy        2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3112 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 3171

Qy        2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3172 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 3231

Qy        2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
               |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3232 CAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 3291

Qy        2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3292 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 3351

Qy        2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3352 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 3411

Qy        2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3412 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 3471

Qy        2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3472 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 3531

Qy        2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3532 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 3591

Qy        2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3592 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3651

Qy        3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3652 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3711

Qy        3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3712 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3771

Qy        3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3772 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3831

Qy        3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3832 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3891

Qy        3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3892 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3951

Qy        3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3952 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 4011

Qy        3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4012 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 4071

Qy        3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4072 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 4131

Qy        3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4132 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 4191

Qy        3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4192 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 4251

Qy        3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4252 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 4311

Qy        3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4312 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 4371

Qy        3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4372 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 4431

Qy        3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
               |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4432 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 4464

RESULT 5
US-10-199-937-132
; Sequence 132, Application US/10199937
; Publication No. US20030190739A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Christenson, Erik
;  APPLICANT:  DeMaggio, Anthony J.
;  APPLICANT:  Goldman, Phyllis S.
;  APPLICANT:  McElligott, David L.
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE2 MATERIALS AND METHODS
;  FILE REFERENCE: 27866/36559
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/199,937
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/606,035
;  PRIOR FILING DATE: 2000-06-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/141,582
;  PRIOR FILING DATE: 1999-06-29
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 132
;   LENGTH: 5002
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (229)..(4383)
US-10-199-937-132

  Query Match            99.4%;  Score 3791.4;  DB 7;  Length 5002;
  Best Local Similarity  99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy           1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
               ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         663 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 722

Qy          61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
               ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         723 TGGGCGCGG-CCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 781

Qy         121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         782 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 841

Qy         181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         842 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 901

Qy         241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         902 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 961
```

```
Qy      301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      962 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 1021

Qy      361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1022 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 1081

Qy      421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1082 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 1141

Qy      481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1142 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 1201

Qy      541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1202 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 1261

Qy      601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1262 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 1321

Qy      661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1322 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 1381

Qy      721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1382 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 1441

Qy      781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1442 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 1501

Qy      841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1502 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 1561

Qy      901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1562 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1621

Qy      961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1622 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1681

Qy     1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1682 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1741

Qy     1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1742 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1801

Qy     1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1802 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1861

Qy     1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1862 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1921

Qy     1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1922 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1981

Qy     1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1982 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 2041

Qy     1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2042 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 2101

Qy     1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2102 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 2161

Qy     1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2162 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 2221

Qy     1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2222 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 2281

Qy     1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2282 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 2341

Qy     1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2342 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 2401

Qy     1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2402 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 2461

Qy     1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2462 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 2521

Qy     1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2522 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 2581

Qy     1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2582 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2641

Qy     1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2642 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2701

Qy     2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db     2702 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2761

Qy     2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2762 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2821

Qy     2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2822 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2881

Qy     2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2882 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2941

Qy     2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2942 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 3001

Qy     2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3002 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 3061

Qy     2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3062 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 3121

Qy     2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3122 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 3181

Qy        2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3182 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 3241

Qy        2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
               |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3242 CAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 3301

Qy        2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3302 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 3361

Qy        2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3362 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 3421

Qy        2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3422 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 3481

Qy        2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3482 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 3541

Qy        2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db.       3542 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 3601

Qy        2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3602 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3661

Qy        3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3662 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3721

Qy        3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3722 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3781

Qy        3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3782 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3841

Qy        3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3842 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3901

Qy        3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3902 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3961

Qy        3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3962 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 4021

Qy        3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4022 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 4081

Qy        3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4082 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 4141

Qy        3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4142 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 4201

Qy        3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4202 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 4261

Qy        3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4262 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 4321

Qy        3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4322 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 4381

Qy        3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4382 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 4441

Qy        3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
               |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4442 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 4474


RESULT 6
US-10-898-653-5
; Sequence 5, Application US/10898653
; Publication No. US20050143370A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Helleday et al
;  TITLE OF INVENTION: Therapeutic Compounds
;  FILE REFERENCE: J660-046
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/898,653
;  CURRENT FILING DATE:  2004-07-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS:  6
; SEQ ID NO 5
;   LENGTH: 6189
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapien
US-10-898-653-5

  Query Match             99.4%;  Score 3791.4;  DB 10;  Length 6189;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy           1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
               ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         157 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 216

Qy          61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
               ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         217 TGGGCGCGG-CCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 275

Qy         121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         276 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 335

Qy         181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         336 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 395

Qy         241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         396 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 455

Qy         301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         456 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 515

Qy         361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         516 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 575

Qy         421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         576 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 635

Qy         481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      636 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 695

Qy      541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      696 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 755

Qy      601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      756 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 815

Qy      661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      816 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 875

Qy      721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      876 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 935

Qy      781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      936 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 995

Qy      841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      996 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 1055

Qy      901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1056 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1115

Qy      961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1116 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1175

Qy     1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1176 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1235

Qy     1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1236 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1295

Qy     1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1296 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1355

Qy     1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1356 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1415

Qy     1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1416 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1475

Qy     1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1476 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1535

Qy     1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1536 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1595

Qy     1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1596 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1655

Qy     1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1656 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1715

Qy     1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1716 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1775

Qy     1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1776 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1835

Qy     1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1836 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1895

Qy     1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1896 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1955

Qy     1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1956 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 2015

Qy     1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2016 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 2075

Qy     1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2076 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2135

Qy     1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2136 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2195

Qy     2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db     2196 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2255

Qy     2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2256 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2315

Qy     2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2316 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2375

Qy     2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2376 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2435

Qy     2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2436 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2495

Qy     2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2496 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2555

Qy     2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2556 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2615

Qy     2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2616 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2675

Qy     2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2676 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2735

Qy     2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
            |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2736 CAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2795

Qy     2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2796 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2855
```

```
Qy       2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2856 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2915

Qy       2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2916 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2975

Qy       2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2976 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 3035

Qy       2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3036 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 3095

Qy       2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3096 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3155

Qy       3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3156 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3215

Qy       3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3216 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3275

Qy       3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3276 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3335

Qy       3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3336 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3395

Qy       3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3396 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3455

Qy       3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3456 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3515

Qy       3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3516 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3575

Qy       3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3576 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3635

Qy       3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3636 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3695

Qy       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3696 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3755

Qy       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3756 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3815

Qy       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3816 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3875

Qy       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3876 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3935

Qy       3781 GCCTCTACGTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
              |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3936 GCCTCTACGTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3968


RESULT 7
US-09-849-602-11
; Sequence 11, Application US/09849602
; Publication No. US20030165834A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Scanlan, Matthew J.
;  APPLICANT:  Old, Lloyd J.
;  APPLICANT:  Stockert, Elisabeth
;  APPLICANT:  Chen, Yao-Tseng
;  TITLE OF INVENTION: Colon Cancer Antigen Panel
;  FILE REFERENCE: L0461/7105(JRV)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/849,602
;  CURRENT FILING DATE:  2001-05-04
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 30
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO 11
;   LENGTH: 6018
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapien
US-09-849-602-11

  Query Match             99.3%;  Score 3788.4;  DB 3;  Length 6018;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3803;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          4 GCTGCTCCGCCCGCCGCGGGCAGCCGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCGTGG 63
              |||||  |  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCTGCCTCCGCCGCCGCGGGCAGCCGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCGTGG 60

Qy         64 GCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGGCCC 123
              |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGG-CCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGGCCC 119

Qy        124 TGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGCTCC 183
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        120 TGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGCTCC 179

Qy        184 GGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCTGCG 243
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        180 GGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCTGCG 239

Qy        244 CCGGCGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAG 303
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        240 CCGGCGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAG 299

Qy        304 AGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTG 363
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        300 AGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTG 359

Qy        364 AGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAG 423
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        360 AGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAG 419

Qy        424 GTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCAC 483
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        420 GTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCAC 479

Qy        484 GTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAG 543
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        480 GTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAG 539

Qy        544 TCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTC 603
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        540 TCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTC 599

Qy        604 CTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATG 663
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        600 CTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATG 659
```

```
Qy       664 GAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCAT 723
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       660 GAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCAT 719

Qy       724 CTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGA 783
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       720 CTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGA 779

Qy       784 GTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAA 843
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       780 GTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAA 839

Qy       844 GTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTG 903
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       840 GTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTG 899

Qy       904 TACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTAC 963
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       900 TACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTAC 959

Qy       964 CATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATG 1023
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       960 CATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATG 1019

Qy      1024 GTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTA 1083
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1020 GTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTA 1079

Qy      1084 AGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCA 1143
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1080 AGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCA 1139

Qy      1144 ATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAG 1203
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1140 ATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAG 1199

Qy      1204 CATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAA 1263
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1200 CATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAA 1259

Qy      1264 TCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAG 1323
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1260 TCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAG 1319

Qy      1324 CATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGC 1383
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1320 CATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGC 1379

Qy      1384 TAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGG 1443
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1380 TAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGG 1439

Qy      1444 CATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTA 1503
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1440 CATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTA 1499

Qy      1504 ATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTAC 1563
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1500 ATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTAC 1559

Qy      1564 AAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCT 1623
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1560 AAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCT 1619

Qy      1624 TTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCAT 1683
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1620 TTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCAT 1679

Qy      1684 TAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAA 1743
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1680 TAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAA 1739

Qy      1744 CTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGT 1803
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1740 CTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGT 1799

Qy      1804 CTACACCACTTCATTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTAC 1863
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1800 CTACACCACTTCATTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTAC 1859

Qy      1864 AGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCAT 1923
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1860 AGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCAT 1919

Qy      1924 GTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATG 1983
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1920 GTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATG 1979

Qy      1984 TAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAA 2043
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1980 TAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAA 2039

Qy      2044 TTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAAACAGGGATGGAAATA 2103
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Db      2040 TTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAAACAGGGATGGAAATA 2099

Qy      2104 CTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATG 2163
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2100 CTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATG 2159

Qy      2164 CAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTC 2223
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2160 CAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTC 2219

Qy      2224 CTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAG 2283
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2220 CTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAG 2279

Qy      2284 CTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATG 2343
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2280 CTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATG 2339

Qy      2344 CCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATG 2403
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2340 CCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATG 2399

Qy      2404 TAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCA 2463
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2400 TAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCA 2459

Qy      2464 CACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCC 2523
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2460 CACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCC 2519

Qy      2524 ATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAG 2583
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2520 ATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAG 2579

Qy      2584 CGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTT 2643
             | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2580 CAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTT 2639

Qy      2644 ACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTT 2703
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2640 ACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTT 2699

Qy      2704 CAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGA 2763
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2700 CAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGA 2759

Qy      2764 GTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGG 2823
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2760 GTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGG 2819

Qy      2824 AGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGAC 2883
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2820 AGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGAC 2879

Qy         2884 TTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGA 2943
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2880 TTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGA 2939

Qy         2944 TGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAA 3003
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2940 TGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAA 2999

Qy         3004 TTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGA 3063
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3000 TTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGA 3059

Qy         3064 ACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGT 3123
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3060 ACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGT 3119

Qy         3124 CTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTG 3183
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3120 CTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTG 3179

Qy         3184 GAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGG 3243
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3180 GAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGG 3239

Qy         3244 AAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAAC 3303
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3240 AAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAAC 3299

Qy         3304 GAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAA 3363
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3300 GAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAA 3359

Qy         3364 GGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCA 3423
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3360 GGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCA 3419

Qy         3424 AAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACA 3483
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3420 AAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACA 3479

Qy         3484 GATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTT 3543
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3480 GATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTT 3539

Qy         3544 TCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTG 3603
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3540 TCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTG 3599

Qy         3604 GTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGG 3663
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3600 GTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGG 3659

Qy         3664 CTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGAT 3723
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3660 CTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGAT 3719

Qy         3724 AAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCC 3783
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3720 AAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCC 3779

Qy         3784 TCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
                ||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3780 TCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3809

RESULT 8
US-10-302-172-556
; Sequence 556, Application US/10302172
; Publication No. US20040053250A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Tang, Y. Tom
;  APPLICANT:  Xue, Aidong J.
;  APPLICANT:  Drmanac, Radoje T.
;  TITLE OF INVENTION: No. US20040053250A1el Arginine-rich Protein-like Nucleic Acids anc
;  TITLE OF INVENTION:  Polypeptides
;  FILE REFERENCE: 803_1CNCP
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/302,172
;  CURRENT FILING DATE:  2002-11-21
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 10/225,251
;  PRIOR FILING DATE: 2002-08-20
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT US02/05095
;  PRIOR FILING DATE: 2002-03-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/799,451
;  PRIOR FILING DATE: 2001-03-05
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 950
;  SOFTWARE: pt_FL_genes Version 2.0
; SEQ ID NO 556
;   LENGTH: 5075
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (253)..(3750)
US-10-302-172-556

  Query Match             98.8%;  Score 3770.8;  DB 8;  Length 5075;
  Best Local Similarity   99.6%;  Pred. No. 0;
  Matches 3800;  Conservative    0;  Mismatches   12;  Indels    2;  Gaps    2;

Qy            1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
                ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           29 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 88

Qy           61 TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
                ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           89 TGGGCGCGG-CCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 147

Qy          121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCT-CGCGGGGCCGGGGCTCCTG 179
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||
Db          148 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCCCCGGGGCCGGGGCTCCTG 207

Qy          180 CTCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGC 239
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          208 CTCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGC 267

Qy          240 TGCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCC 299
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          268 TGCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCC 327

Qy          300 CGAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACG 359
                |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          328 CGAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCCCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACG 387

Qy          360 CCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCC 419
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  |  ||||||||||||||||
Db          388 CCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAAATCCACCCGCTGCACTTCGCC 447

Qy          420 GCAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAA 479
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Db          448 GCAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAAAATGGTGCAAATGTCCAA 507

Qy          480 GCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAA 539
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          508 GCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAA 567

Qy          540 GTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTAT 599
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          568 GTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTAT 627

Qy          600 ACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAG 659
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          628 ACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAG 687
```

```
Qy    660 CATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGAT 719
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    688 CATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGAT 747

Qy    720 CCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCC 779
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    748 CCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCC 807

Qy    780 AGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCAC 839
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    808 AGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCAC 867

Qy    840 GCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAG 899
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    868 GCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAG 927

Qy    900 ATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTG 959
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    928 ATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTG 987

Qy    960 GTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAG 1019
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    988 GTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAG 1047

Qy   1020 CATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCT 1079
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1048 CATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCT 1107

Qy   1080 TCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTG 1139
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1108 TCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTG 1167

Qy   1140 CTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGA 1199
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1168 CTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGA 1227

Qy   1200 TTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACT 1259
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1228 TTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACT 1287

Qy   1260 CGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAA 1319
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1288 CGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAA 1347

Qy   1320 ACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTG 1379
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1348 ACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTG 1407

Qy   1380 TTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCAC 1439
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1408 TTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCAC 1467

Qy   1440 GTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAG 1499
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1468 GTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAG 1527

Qy   1500 GTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCAT 1559
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1528 GTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCAT 1587

Qy   1560 CTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAG 1619
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1588 CTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAG 1647

Qy   1620 GGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATC 1679
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1648 GGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATC 1707

Qy   1680 TCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTC 1739
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1708 TCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTC 1767

Qy   1740 GAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGT 1799
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1768 GAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGT 1827

Qy   1800 CAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTG 1859
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1828 CAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTG 1887

Qy   1860 CTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAAT 1919
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1888 CTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAAT 1947

Qy   1920 GCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTT 1979
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1948 GCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTT 2007

Qy   1980 AATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATAT 2039
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2008 AATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATAT 2067

Qy   2040 GAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAAACAGGGATGGA 2099
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db   2068 GAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAAACAGGGATGGA 2127

Qy   2100 AATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGA 2159
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2128 AATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGA 2187

Qy   2160 GATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCT 2219
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2188 GATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCT 2247

Qy   2220 TCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTA 2279
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2248 TCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTA 2307

Qy   2280 GCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTG 2339
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2308 GCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTG 2367

Qy   2340 AATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTA 2399
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2368 AATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTA 2427

Qy   2400 GATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCT 2459
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2428 GATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCT 2487

Qy   2460 TTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTA 2519
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2488 TTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTA 2547

Qy   2520 GCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTT 2579
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2548 GCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTT 2607

Qy   2580 TCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCT 2639
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2608 TCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCT 2667

Qy   2640 TGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTC 2699
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2668 TGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTC 2727

Qy   2700 TCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCT 2759
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2728 TCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCT 2787

Qy   2760 GGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGT 2819
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2788 GGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGT 2847

Qy   2820 TTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTT 2879
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2848 TTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTT 2907

Qy       2880 GGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTT 2939
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2908 GGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTT 2967

Qy       2940 GAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAA 2999
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2968 GAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAA 3027

Qy       3000 CTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACT 3059
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3028 CTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACT 3087

Qy       3060 TTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTT 3119
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3088 TTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTT 3147

Qy       3120 CAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCA 3179
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3148 CAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCA 3207

Qy       3180 GGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTA 3239
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3208 GGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTA 3267

Qy       3240 TGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAAT 3299
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3268 TGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAAT 3327

Qy       3300 GAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGAT 3359
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3328 GAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGAT 3387

Qy       3360 GAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCT 3419
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3388 GAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCT 3447

Qy       3420 TCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAA 3479
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3448 TCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAA 3507

Qy       3480 GACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAG 3539
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3508 GACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAG 3567

Qy       3540 TCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTC 3599
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3568 TCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTC 3627

Qy       3600 ACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAA 3659
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3628 ACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAA 3687

Qy       3660 CAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGAT 3719
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3688 CAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGAT 3747

Qy       3720 GGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGT 3779
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3748 GGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGT 3807

Qy       3780 GGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3808 GGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3841


RESULT 9
US-10-199-937-100
; Sequence 100, Application US/10199937
; Publication No. US20030190739A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Christenson, Erik
;  APPLICANT:  DeMaggio, Anthony J.
;  APPLICANT:  Goldman, Phyllis S.
;  APPLICANT:  McElligott, David L.
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE2 MATERIALS AND METHODS
;  FILE REFERENCE: 27866/36559
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/199,937
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/606,035
;  PRIOR FILING DATE: 2000-06-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/141,582
;  PRIOR FILING DATE: 1999-06-29
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 100
;   LENGTH: 4127
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (2)..(3508)
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: 3'UTR
;   LOCATION: (3509)..(4127)
US-10-199-937-100

  Query Match             94.2%;  Score 3595.8;  DB 7;  Length 4127;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3597;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        215 GGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCTGCGCCGGCGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGC 274
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCTGCGCCGGCGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGC 60

Qy        275 GGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGT 334
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGT 120

Qy        335 GGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAG 394
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAG 180

Qy        395 GAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTT 454
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTT 240

Qy        455 GCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAA 514
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAA 300

Qy        515 TGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCC 574
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCC 360

Qy        575 CAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGAT 634
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 CAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGAT 420

Qy        635 TGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGG 694
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 TGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGG 480

Qy        695 AAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAA 754
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 AAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAA 540

Qy        755 GAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACT 814
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACT 600

Qy        815 CACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTT 874
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTT 660
```

```
Qy     875 GGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGT 934
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     661 GGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGT 720

Qy     935 CCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTA 994
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     721 CCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTA 780

Qy     995 TGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCA 1054
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     781 TGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCA 840

Qy    1055 ATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTT 1114
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     841 ATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTT 900

Qy    1115 AAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGC 1174
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     901 AAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGC 960

Qy    1175 TCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCA 1234
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     961 TCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCA 1020

Qy    1235 AGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAA 1294
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1021 AGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAA 1080

Qy    1295 TTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCC 1354
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1081 TTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCC 1140

Qy    1355 CAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGAC 1414
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1141 CAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGAC 1200

Qy    1415 TAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGA 1474
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1201 TAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGA 1260

Qy    1475 AGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCT 1534
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1261 AGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCT 1320

Qy    1535 ACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTG 1594
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1321 ACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTG 1380

Qy    1595 TGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGT 1654
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1381 TGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGT 1440

Qy    1655 ACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCT 1714
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1441 ACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCT 1500

Qy    1715 GGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGT 1774
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1501 GGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGT 1560

Qy    1775 CAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAA 1834
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1561 CAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAA 1620

Qy    1835 CAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAA 1894
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1621 CAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAA 1680

Qy    1895 AGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACT 1954
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1681 AGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACT 1740

Qy    1955 TCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACA 2014
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1741 TCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACA 1800

Qy    2015 TGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGA 2074
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1801 TGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGA 1860

Qy    2075 CCCTACCAAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATAC 2134
           |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1861 CCCTACAAAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATAC 1920

Qy    2135 AGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTG 2194
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1921 AGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTG 1980

Qy    2195 TTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGG 2254
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1981 TTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGG 2040

Qy    2255 CAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTA 2314
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2041 CAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTA 2100

Qy    2315 TTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACA 2374
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2101 TTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACA 2160

Qy    2375 TAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATG 2434
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2161 TAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATG 2220

Qy    2435 TGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACG 2494
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2221 TGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACG 2280

Qy    2495 AACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGA 2554
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2281 AACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGA 2340

Qy    2555 AGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGC 2614
           |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db    2341 AGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGC 2400

Qy    2615 CATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAG 2674
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2401 CATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAG 2460

Qy    2675 CCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGC 2734
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2461 CCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGC 2520

Qy    2735 AGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTC 2794
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2521 AGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTC 2580

Qy    2795 AAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAG 2854
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2581 AAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAG 2640

Qy    2855 CATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGA 2914
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2641 CATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGA 2700

Qy    2915 ACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAAT 2974
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2701 ACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAAT 2760

Qy    2975 CAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACA 3034
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2761 CAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACA 2820

Qy    3035 ACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGA 3094
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2821 ACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGA 2880

Qy        3095 TCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCG 3154
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2881 TCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCG 2940

Qy        3155 AGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGAT 3214
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 AGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGAT 3000

Qy        3215 TCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTC 3274
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 TCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTC 3060

Qy        3275 TGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAA 3334
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 TGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAA 3120

Qy        3335 TGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGC 3394
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 TGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGC 3180

Qy        3395 TGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGG 3454
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3181 TGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGG 3240

Qy        3455 AGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCT 3514
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3241 AGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCT 3300

Qy        3515 CTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACA 3574
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3301 CTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACA 3360

Qy        3575 TTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGC 3634
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 TTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGC 3420

Qy        3635 TGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGAT 3694
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3421 TGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGAT 3480

Qy        3695 TATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTG 3754
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3481 TATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTG 3540

Qy        3755 AACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3541 AACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3599


RESULT 10
US-10-163-587A-14
; Sequence 14, Application US/10163587A
; Publication No. US20030096263A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Oliveira, Marcos
;  TITLE OF INVENTION: SELECTIVE PARP-1 TARGETING FOR DESIGNING CHEMO/RADIO SENSITIZING
;  FILE REFERENCE: 50229-306
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/163,587A
;  CURRENT FILING DATE:  2003-01-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/296,110
;  PRIOR FILING DATE: 2001-06-07
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 40
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 14
;   LENGTH: 5778
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (1)..(3501)
;   OTHER INFORMATION:
```

```
US-10-163-587A-14

  Query Match             94.0%;  Score 3587.4;  DB 6;  Length 5778;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3588;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy         225 ATGTCGGGTCGCCGCTGCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCC 284
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           1 ATGTCGGGTCGCCGCTGCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCC 60

Qy         285 GTGGAGCCGGCCGCCCGAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTC 344
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          61 GTGGAGCCGGCCGCCCGAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTC 120

Qy         345 AAGAGGCTGGTGACGCCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACC 404
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         121 AAGAGGCTGGTGACGCCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACC 180

Qy         405 CCGCTGCACTTCGCCGCAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAAT 464
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         181 CCGCTGCACTTCGCCGCAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAAT 240

Qy         465 GGTGCAAATGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCT 524
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         241 GGTGCAAATGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCT 300

Qy         525 TTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGA 584
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         301 TTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGA 360

Qy         585 GATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGC 644
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         361 GATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGC 420

Qy         645 ATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCA 704
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         421 ATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCA 480

Qy         705 TTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAA 764
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         481 TTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAA 540

Qy         765 CTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTA 824
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         541 CTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTA 600

Qy         825 AATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGA 884
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         601 AATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGA 660

Qy         885 TATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAA 944
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         661 TATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAA 720

Qy         945 GATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACT 1004
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         721 GATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACT 780

Qy        1005 GAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCT 1064
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         781 GAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCT 840

Qy        1065 CTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGT 1124
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         841 CTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGT 900

Qy        1125 GCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCA 1184
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         901 GCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCA 960

Qy        1185 CAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGA 1244
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         961 CAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGA 1020
```

```
Qy     1245 GAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCAT 1304
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1021 GAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCAT 1080

Qy     1305 CCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAG 1364
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1081 CCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAG 1140

Qy     1365 CAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTC 1424
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1141 CAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTC 1200

Qy     1425 TTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTG 1484
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1201 TTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTG 1260

Qy     1485 AAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCT 1544
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1261 AAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCT 1320

Qy     1545 GCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAAC 1604
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1321 GCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAAC 1380

Qy     1605 ATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTC 1664
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1381 ATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTC 1440

Qy     1665 CTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCA 1724
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1441 CTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCA 1500

Qy     1725 AAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGA 1784
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1501 AAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGA 1560

Qy     1785 GACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCC 1844
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1561 GACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCC 1620

Qy     1845 GTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTT 1904
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1621 GTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTT 1680

Qy     1905 GTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAA 1964
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1681 GTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAA 1740

Qy     1965 CATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCA 2024
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1741 CATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCA 1800

Qy     2025 GCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAA 2084
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Db     1801 GCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAA 1860

Qy     2085 AAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAA 2144
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1861 AAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAA 1920

Qy     2145 GATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGA 2204
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1921 GATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGA 1980

Qy     2205 GTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCA 2264
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1981 GTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCA 2040

Qy     2265 ACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAA 2324
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2041 ACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAA 2100

Qy     2325 CACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCA 2384
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2101 CACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCA 2160

Qy     2385 TCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCC 2444
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2161 TCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCC 2220

Qy     2445 ACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTT 2504
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2221 ACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTT 2280

Qy     2505 TGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACA 2564
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2281 TGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACA 2340

Qy     2565 CCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCA 2624
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2341 CCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCA 2400

Qy     2625 TCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCC 2684
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2401 TCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCC 2460

Qy     2685 ACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGT 2744
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2461 ACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGT 2520

Qy     2745 CTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACA 2804
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2521 CTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACA 2580

Qy     2805 GAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAA 2864
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2581 GAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAA 2640

Qy     2865 TTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACT 2924
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2641 TTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACT 2700

Qy     2925 TTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTAT 2984
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2701 TTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTAT 2760

Qy     2985 GGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTT 3044
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2761 GGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTT 2820

Qy     3045 AACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCT 3104
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2821 AACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCT 2880

Qy     3105 GATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGA 3164
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2881 GATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGA 2940

Qy     3165 GATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTT 3224
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2941 GATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTT 3000

Qy     3225 TGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAAC 3284
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3001 TGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAAC 3060

Qy     3285 CACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATC 3344
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3061 CACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATC 3120

Qy     3345 CACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTAT 3404
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3121 CACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTAT 3180

Qy     3405 TTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGG 3464
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3181 TTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGG 3240

Qy         3465 TGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGG 3524
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3241 TGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGG 3300

Qy         3525 GTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCA 3584
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3301 GTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCA 3360

Qy         3585 GGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTT 3644
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3361 GGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTT 3420

Qy         3645 ATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCT 3704
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3421 ATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCT 3480

Qy         3705 GAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAAT 3764
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3481 GAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAAT 3540

Qy         3765 CATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3541 CATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3589


RESULT 11
US-10-199-937-1
; Sequence 1, Application US/10199937
; Publication No. US20030190739A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Christenson, Erik
;  APPLICANT:  DeMaggio, Anthony J.
;  APPLICANT:  Goldman, Phyllis S.
;  APPLICANT:  McElligott, David L.
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE2 MATERIALS AND METHODS
;  FILE REFERENCE: 27866/36559
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/199,937
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/606,035
;  PRIOR FILING DATE: 2000-06-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/141,582
;  PRIOR FILING DATE: 1999-06-29
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 3508
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (2)..(3508)
US-10-199-937-1

  Query Match             91.8%;  Score 3504.8;  DB 7;  Length 3508;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3506;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          215 GGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCTGCGCCGGCGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGC 274
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            1 GGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCTGCGCCGGCGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGC 60

Qy          275 GGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGT 334
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           61 GGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGT 120

Qy          335 GGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAG 394
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          121 GGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAG 180

Qy          395 GAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTT 454
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          181 GAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTT 240

Qy          455 GCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAA 514
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          241 GCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAA 300

Qy          515 TGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCC 574
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          301 TGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCC 360

Qy          575 CAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGAT 634
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          361 CAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGAT 420

Qy          635 TGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGG 694
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          421 TGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGG 480

Qy          695 AAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAA 754
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          481 AAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAA 540

Qy          755 GAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACT 814
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          541 GAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACT 600

Qy          815 CACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTT 874
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          601 CACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTT 660

Qy          875 GGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGT 934
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          661 GGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGT 720

Qy          935 CCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTA 994
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          721 CCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTA 780

Qy          995 TGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCA 1054
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          781 TGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCA 840

Qy         1055 ATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTT 1114
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          841 ATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTT 900

Qy         1115 AAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGC 1174
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          901 AAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGC 960

Qy         1175 TCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCA 1234
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          961 TCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCA 1020

Qy         1235 AGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAA 1294
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1021 AGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAA 1080

Qy         1295 TTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCC 1354
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1081 TTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCC 1140

Qy         1355 CAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGAC 1414
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1141 CAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGAC 1200

Qy         1415 TAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGA 1474
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1201 TAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGA 1260

Qy         1475 AGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCT 1534
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1261 AGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCT 1320

Qy      1535 ACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTG 1594
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1321 ACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTG 1380

Qy      1595 TGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGT 1654
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1381 TGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGT 1440

Qy      1655 ACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCT 1714
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1441 ACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCT 1500

Qy      1715 GGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGT 1774
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1501 GGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGT 1560

Qy      1775 CAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAA 1834
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1561 CAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAA 1620

Qy      1835 CAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAA 1894
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1621 CAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAA 1680

Qy      1895 AGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACT 1954
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1681 AGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACT 1740

Qy      1955 TCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACA 2014
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1741 TCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACA 1800

Qy      2015 TGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGA 2074
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1801 TGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGA 1860

Qy      2075 CCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATAC 2134
             |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1861 CCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATAC 1920

Qy      2135 AGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTG 2194
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1921 AGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTG 1980

Qy      2195 TTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGG 2254
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1981 TTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGG 2040

Qy      2255 CAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTA 2314
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2041 CAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTA 2100

Qy      2315 TTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACA 2374
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2101 TTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACA 2160

Qy      2375 TAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATG 2434
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2161 TAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATG 2220

Qy      2435 TGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACG 2494
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2221 TGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACG 2280

Qy      2495 AACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGA 2554
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2281 AACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGA 2340

Qy      2555 AGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGC 2614
             |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db      2341 AGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGC 2400
```

```
Qy      2615 CATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAG 2674
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2401 CATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAG 2460

Qy      2675 CCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGC 2734
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2461 CCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGC 2520

Qy      2735 AGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTC 2794
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2521 AGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTC 2580

Qy      2795 AAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAG 2854
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2581 AAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAG 2640

Qy      2855 CATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGA 2914
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2641 CATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGA 2700

Qy      2915 ACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAAT 2974
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2701 ACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAAT 2760

Qy      2975 CAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACA 3034
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2761 CAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACA 2820

Qy      3035 ACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGA 3094
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2821 ACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGA 2880

Qy      3095 TCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCG 3154
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2881 TCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCG 2940

Qy      3155 AGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGAT 3214
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2941 AGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGAT 3000

Qy      3215 TCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTC 3274
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3001 TCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTC 3060

Qy      3275 TGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAA 3334
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3061 TGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAA 3120

Qy      3335 TGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGC 3394
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3121 TGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGC 3180

Qy      3395 TGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGG 3454
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3181 TGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGG 3240

Qy      3455 AGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCT 3514
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3241 AGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCT 3300

Qy      3515 CTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACA 3574
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3301 CTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACA 3360

Qy      3575 TTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGC 3634
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3361 TTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGC 3420

Qy      3635 TGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGAT 3694
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3421 TGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGAT 3480
```

```
Qy       3695 TATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGA 3722
              ||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 TATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGA 3508


RESULT 12
US-10-616-101-1
; Sequence 1, Application US/10616101
; Publication No. US20050074825A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  APPLICANT:  Ossovskaya, Valeria
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods
;  FILE REFERENCE: RIGL-010CIP3
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/616,101
;  CURRENT FILING DATE:  2003-07-08
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/843,159
;  PRIOR FILING DATE: 2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 19
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 3797
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-616-101-1

  Query Match            88.9%;  Score 3393.4;  DB 10;  Length 3797;
  Best Local Similarity  99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3394;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        422 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGC 481
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db        403 AGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAAGC 462

Qy        482 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 541
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        463 ACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGT 522

Qy        542 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 601
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        523 AGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATAC 582

Qy        602 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 661
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        583 TCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCA 642

Qy        662 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 721
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        643 TGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCC 702

Qy        722 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 781
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        703 ATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAG 762

Qy        782 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 841
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        763 GAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGC 822

Qy        842 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 901
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        823 AAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGAT 882

Qy        902 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 961
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        883 TGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGT 942

Qy        962 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1021
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        943 ACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCA 1002

Qy       1022 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1081
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1003 TGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTC 1062

Qy       1082 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1141
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1063 TAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCT 1122

Qy       1142 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1201
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1123 CAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATT 1182

Qy       1202 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1261
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1183 AGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCG 1242

Qy       1262 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1321
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1243 AATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAAC 1302

Qy       1322 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1381
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1303 AGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTT 1362

Qy       1382 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1441
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1363 GCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGT 1422

Qy       1442 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1501
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1423 GGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGT 1482

Qy       1502 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1561
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1483 TAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCT 1542

Qy       1562 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1621
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1543 ACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGG 1602

Qy       1622 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1681
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1603 CTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTC 1662

Qy       1682 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1741
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1663 ATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGA 1722

Qy       1742 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1801
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1723 AACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA 1782

Qy       1802 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1861
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1783 GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCT 1842

Qy       1862 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1921
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1843 ACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGC 1902

Qy       1922 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1981
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1903 ATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAA 1962

Qy       1982 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2041
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1963 TGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGA 2022

Qy       2042 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2101
```

```
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2023 AATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAA 2082

Qy    2102 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2161
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2083 TACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGA 2142

Qy    2162 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2221
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2143 TGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTC 2202

Qy    2222 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2281
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2203 TCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGC 2262

Qy    2282 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2341
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2263 AGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAA 2322

Qy    2342 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2401
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2323 TGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGA 2382

Qy    2402 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2461
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2383 TGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTT 2442

Qy    2462 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2521
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2443 CACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGC 2502

Qy    2522 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2581
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2503 CCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTC 2562

Qy    2582 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2641
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2563 AGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTG 2622

Qy    2642 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2701
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2623 TTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTC 2682

Qy    2702 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2761
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2683 TTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGG 2742

Qy    2762 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2821
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2743 GAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTT 2802

Qy    2822 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2881
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2803 GGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGG 2862

Qy    2882 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2941
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2863 ACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGA 2922

Qy    2942 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 3001
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2923 GATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACT 2982

Qy    3002 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3061
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2983 AATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTT 3042

Qy    3062 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3121
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3043 GAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCA 3102

Qy    3122 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3181
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3103 GTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGG 3162

Qy    3182 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3241
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3163 TGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG 3222

Qy    3242 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3301
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3223 GGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGA 3282

Qy    3302 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3361
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3283 ACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGA 3342

Qy    3362 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3421
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3343 AAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTC 3402

Qy    3422 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3481
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3403 CAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGA 3462

Qy    3482 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3541
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3463 CAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTC 3522

Qy    3542 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3601
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3523 TTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCAC 3582

Qy    3602 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3661
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3583 TGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACA 3642

Qy    3662 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3721
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3643 GGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGG 3702

Qy    3722 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3781
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3703 ATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGG 3762

Qy    3782 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3816
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3763 CCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA 3797

RESULT 13
US-09-972-115A-3
; Sequence 3, Application US/09972115A
; Publication No. US20030032769A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:  Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 4297
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (1)..(3801)
;   OTHER INFORMATION:
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1)..(1)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (125)..(125)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (293)..(293)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (328)..(328)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (341)..(341)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (378)..(378)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (415)..(415)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (432)..(432)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (459)..(459)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (496)..(496)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (517)..(517)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (534)..(534)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (553)..(553)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (562)..(562)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (614)..(614)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (619)..(619)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (632)..(632)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (637)..(637)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (643)..(643)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (680)..(680)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (682)..(682)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (711)..(713)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1971)..(1971)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2000)..(2000)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2175)..(2175)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2180)..(2180)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2205)..(2205)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2221)..(2221)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2289)..(2289)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2316)..(2316)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2359)..(2674)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2977)..(2977)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2291)..(2291)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
US-09-972-115A-3

  Query Match             87.6%;  Score 3341;  DB 3;  Length 4297;
  Best Local Similarity   89.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 3400;  Conservative    8;  Mismatches  402;  Indels   12;  Gaps    2;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||  |  ||||||||||||||||||||||||||||||||| |||  ||
Db         74 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCATCGAANGGGCGCGC 133

Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
                ||    | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        134 GTGGGCGCGGCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 193
```

```
Qy       121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       194 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 253

Qy       181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db       254 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCANGATCATGTCGGGTCGCCGCT 313

Qy       241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
             |||||||||||||| |||||||||||| |||||||||||| |||||||| ||||||||||
Db       314 GCGCCGGCGGGGGANCGGCCTGCGCGANCGCCGCGGCCGAAGCCGTGGAACCGGCCGCCC 373

Qy       301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
             || | |||||||| ||||||||||||||||||||||||||| |||||| ||||||||| |
Db       374 GAAANCTGTTCGAAGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGANTCAAGAAGCTGGTGACNC 433

Qy       361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
             ||||:|||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||: |||
Db       434 CTGARAAGGTGAACAGCCGCGACACNGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTYCCCG 493

Qy       421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
             || ||||||||||||||||| || ||:||||||||||||| ||||||||||||||:||| 
Db       494 CANGTTTTGGGCGGAAAGACTTANTTRAATATTTGCTTCANAATGGTGCAAATGTYCAAN 553

Qy       481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
             |||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||:|| 
Db       554 CACGTGATNATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCMTGCTRAAA 613

Qy       541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
                || |||||||||||| |||| ||||| |:||||||||||||||||||||||||||||
Db       614 NTATCNATCTCCTTTTGCNACATNGTGCANAMCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 673

Qy       601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
             |||||| | ||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||
Db       674 CTCCTCNCNATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGANNNTTGCATTGTGCTGTTACAGC 733

Qy       661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       734 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 793

Qy       721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       794 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 853

Qy       781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       854 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 913

Qy       841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       914 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 973

Qy       901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       974 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1033

Qy       961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1034 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1093

Qy      1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1094 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1153

Qy      1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1154 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1213

Qy      1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1214 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1273
```

```
Qy      1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1274 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1333

Qy      1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1334 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1393

Qy      1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1394 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1453

Qy      1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1454 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1513

Qy      1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1514 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1573

Qy      1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1574 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1633

Qy      1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1634 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1693

Qy      1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1694 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1753

Qy      1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1754 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1813

Qy      1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1814 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1873

Qy      1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1874 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1933

Qy      1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Db      1934 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGNGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1993

Qy      1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
             |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1994 CATGTTNTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2053

Qy      1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2054 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2113

Qy      2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||| |   | ||||
Db      2114 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAAAAAAAAAGGAA 2173

Qy      2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
             | | || |||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||| ||||||||||||
Db      2174 ANATTCNTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGANACAGATATTCAAGATNTGCTTAGGGGAG 2233

Qy      2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
             |||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||
Db      2234 ATGCAGTTTTGTTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTNTNTT 2293

Qy      2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
              ||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2294 TTCCTGATAATGTAAATTGCCGNGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2353

Qy      2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
```

```
              ||   |||
Db       2354 CA---GGTNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2410

Qy       2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400

Db       2411 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2470

Qy       2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460

Db       2471 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2530

Qy       2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520

Db       2531 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2590

Qy       2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580

Db       2591 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2650

Qy       2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
                                      |||||||||||||||||||||||| |||||||||||
Db       2651 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGTTCTGCCCTCTT 2710

Qy       2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
              || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2711 GTAACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2770

Qy       2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2771 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2830

Qy       2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2831 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2890

Qy       2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2891 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2950

Qy       2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
              |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2951 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTNAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 3010

Qy       2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||
Db       3011 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGWATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3070

Qy       3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
              |||||||| |  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3071 TAATTAAAAGTTTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3130

Qy       3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3131 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3190

Qy       3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3191 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3250

Qy       3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAAC---------A 3231
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||         |
Db       3251 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAGAGCCAAGA 3310

Qy       3232 AGAAACTATGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACC 3291
                   |    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3311 TTCGGCACGAGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACC 3370

Qy       3292 ATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAG 3351
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3371 ATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAG 3430

Qy       3352 GCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTG 3411
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3431 GCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTG 3490

Qy       3412 AAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAG 3471
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3491 AAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAG 3550

Qy       3472 TTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCT 3531
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3551 TTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCT 3610

Qy       3532 TGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATC 3591
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3611 TGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATC 3670

Qy       3592 ACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACA 3651
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3671 ACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACA 3730

Qy       3652 GAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTA 3711
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3731 GAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTA 3790

Qy       3712 TGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAA 3771
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3791 TGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAA 3850

Qy       3772 GCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3851 GCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3892


RESULT 14
US-09-509-196A-1
; Sequence 1, Application US/09509196A
; Patent No. US20020037582A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT:  DALY, Roger J.
;  APPLICANT:  SUTHERLAND, Robert L.
;  TITLE OF INVENTION:  A Potential Effector for the Grb7 Family of Signalling
;  TITLE OF INVENTION:  Proteins
;  FILE REFERENCE:  1871-129
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/509,196A
;  CURRENT FILING DATE:  2000-03-23
;  PRIOR APPLICATION NUMBER:  P09388
;  PRIOR FILING DATE:  1997-09-23
;  PRIOR APPLICATION NUMBER:  PCT AU98/00795
;  PRIOR FILING DATE:  1998-09-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS:  2
;  SOFTWARE:  PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 3400
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-509-196A-1

  Query Match             86.4%;  Score 3297;  DB 3;  Length 3400;
  Best Local Similarity   99.7%;  Pred. No. 0;
  Matches 3303;  Conservative    0;  Mismatches   10;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        501 ATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGA 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGA 60

Qy        561 CATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCA 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 CATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCA 120

Qy        621 ATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATC 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 ATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATC 180

Qy        681 CGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTT 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 CGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTT 240

Qy        741 ACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAA 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAA 300

Qy        801 ATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCA 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCA 360

Qy        861 ACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAA 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 ACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAA 420

Qy        921 CATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGT 980
              ||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CATGGACGTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGT 480

Qy        981 TCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCA 1040
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db        481 TCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGGCTGTGTAAATGCA 540

Qy       1041 ATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTA 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTA 600

Qy       1101 TGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGT 1160
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | |||||||||
Db        601 TGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTAAGAATAAAAGT 660

Qy       1161 GCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGC 1220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGC 720

Qy       1221 CACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCT 1280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 CACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCT 780

Qy       1281 CTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCT 1340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 CTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCT 840

Qy       1341 GCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAAC 1400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAAC 900

Qy       1401 ATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCAT 1460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 ATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCAT 960

Qy       1461 AATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTT 1520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 AATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTT 1020

Qy       1521 GGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTC 1580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 GGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTC 1080

Qy       1581 CTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATG 1640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 CTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATG 1140

Qy       1641 GGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCA 1700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCA 1200

Qy       1701 GACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGT 1760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGT 1260

Qy       1761 ACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTT 1820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 ACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTT 1320

Qy       1821 GCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTG 1880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTG 1380

Qy       1881 CATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTAT 1940
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db       1381 CATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTACGGACATTAT 1440

Qy       1941 GAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAA 2000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 GAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAA 1500

Qy       2001 TTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTC 2060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 TTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTC 1560

Qy       2061 CAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTT 2120
              |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTT 1620

Qy       2121 AAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCT 2180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 AAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCT 1680

Qy       2181 GCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGC 2240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 GCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGC 1740

Qy       2241 CGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTA 2300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 CGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTA 1800

Qy       2301 GAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGA 2360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 GAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGA 1860

Qy       2361 CTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATA 2420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 CTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATA 1920

Qy       2421 AAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCA 2480
              ||||||||||||| | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 AAGTATAATGCATCTCTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCA 1980

Qy       2481 GCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACT 2540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 GCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACT 2040

Qy       2541 CTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCT 2600
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Db       2041 CTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCAGATGATGTCAGCGCT 2100

Qy       2601 CTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTC 2660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTC 2160

Qy       2661 AATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCA 2720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 AATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCA 2220

Qy       2721 TCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCT 2780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 TCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCT 2280

Qy       2781 TCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCA 2840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCA 2340

Qy       2841 GGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGAT 2900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 GGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGAT 2400
```

```
Qy       2901 ATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTG 2960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 ATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTG 2460

Qy       2961 AAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGA 3020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 AAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGA 2520

Qy       3021 CTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGA 3080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGA 2580

Qy       3081 ACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATG 3140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 ACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATG 2640

Qy       3141 CAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATAC 3200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 CAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATAC 2700

Qy       3201 AATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGG 3260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 AATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGG 2760

Qy       3261 AGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGG 3320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 AGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGG 2820

Qy       3321 TCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGT 3380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 TCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGT 2880

Qy       3381 GGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTA 3440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTA 2940

Qy       3441 TATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGC 3500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 TATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGC 3000

Qy       3501 CACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCA 3560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 CACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCA 3060

Qy       3561 ATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAAT 3620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 ATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAAT 3120

Qy       3621 GGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTA 3680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 GGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTA 3180

Qy       3681 ATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGA 3740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 ATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGA 3240

Qy       3741 AACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTT 3800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTT 3300

Qy       3801 TGCTGAAAAAAAA 3813
              |||||||||||||
Db       3301 TGCTGAAAAAAAA 3313
```

```
RESULT 15
US-09-972-115A-1
; Sequence 1, Application US/09972115A
; Publication No. US20030032769A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:  Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 4493
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (1)..(3999)
;   OTHER INFORMATION:
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1)..(586)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (596)..(597)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (621)..(621)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (626)..(626)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (629)..(629)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (638)..(638)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (693)..(694)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (724)..(724)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (730)..(730)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (764)..(764)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (791)..(791)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2148)..(2148)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2177)..(2177)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2382)..(2382)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2398)..(2398)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2466)..(2466)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2468)..(2468)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2493)..(2493)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2536)..(2860)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (3163)..(3163)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (3488)..(3499)
;   OTHER INFORMATION: Sequences not determined at this position .  Unknown residue put
;   OTHER INFORMATION: in to provide alignment.
US-09-972-115A-1

  Query Match             79.6%;  Score 3039;  DB 3;  Length 4493;
  Best Local Similarity   88.5%;  Pred. No. 0;
  Matches 3101;  Conservative    1;  Mismatches  375;  Indels   27;  Gaps    2;

Qy         337 AACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGA 396
               ||| | ||   ||||||||||| ||||| ||||| |||| || | |||||| ||||||||
Db         587 AACCATTCCNNAGGCTGGTGACCCCTGAAAAGGTNAACANCCNCAACACGGNGGGCAGGA 646

Qy         397 AATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGC 456
               |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||| || |  ||  |||||||||
Db         647 AATCCACCCCGCTGCACTTCCCCGCAGGTTTTGGGCGGAAAAACCTNNTTAAATATTTGC 706

Qy         457 TTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATG 516
               |||| |||||||||||| ||||| ||| | || |||||||||||||||||||||||| ||
Db         707 TTCAAAATGGTGCAAATNTCCAANCACTTTATAATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATANTG 766

Qy         517 CATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCA 576
               |||||||||||||||||||| ||    |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         767 CATGCTCTTTTGGTCATGCTAAAANTATCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCA 826

Qy         577 ATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTG 636
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         827 ATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTG 886

Qy         637 ATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAA 696
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         887 ATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAA 946

Qy         697 GGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGA 756
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         947 GGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGA 1006

Qy         757 AAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCA 816
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1007 AAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCA 1066

Qy         817 CACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGG 876
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1067 CACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGG 1126

Qy         877 CAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCC 936
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1127 CAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCC 1186

Qy         937 ATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATG 996
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1187 ATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATG 1246

Qy         997 AAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAAT 1056
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1247 AAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAAT 1306

Qy        1057 TCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAA 1116
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1307 TCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAA 1366

Qy        1117 GTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTC 1176
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1367 GTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTC 1426

Qy        1177 CCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAG 1236
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1427 CCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAG 1486

Qy        1237 CTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATT 1296
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1487 CTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATT 1546

Qy        1297 TCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCA 1356
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1547 TCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCA 1606

Qy        1357 AAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTA 1416
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1607 AAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTA 1666

Qy        1417 AAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAG 1476
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1667 AAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAG 1726

Qy        1477 TAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTAC 1536
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1727 TAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTAC 1786

Qy        1537 ACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTG 1596
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1787 ACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTG 1846

Qy        1597 ATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTAC 1656
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1847 ATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTAC 1906

Qy        1657 AGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGG 1716
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1907 AGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGG 1966

Qy        1717 AAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCA 1776
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1967 AAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCA 2026

Qy        1777 ACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACA 1836
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2027 ACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACA 2086

Qy        1837 GAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAG 1896
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2087 GAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAG 2146

Qy        1897 GAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTC 1956
               | |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db        2147 GNGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTNTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTC 2206

Qy        1957 TTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATG 2016
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2207 TTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATG 2266

Qy       2017 AAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACC 2076
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2267 AAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACC 2326

Qy       2077 CTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAG 2136
              |||| ||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||| ||||
Db       2327 CTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCTTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGANACAG 2386

Qy       2137 ATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTT 2196
              ||||||||||| |||||||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||
Db       2387 ATATTCAAGATNTGCTTAGGGGAGATGCAGTTTTGTTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTT 2446

Qy       2197 TAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCA 2256
              ||||||||||||||||||| | || ||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db       2447 TAGCCAGAGTGAAGAAGTTNTNTTTTCCTGATAATGTAAATTGCCGNGATACCCAAGGCA 2506

Qy       2257 GACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCT------GGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAG 2310
              ||||||||||||||||||||||||||| |
Db       2507 GACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGGTNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2566

Qy       2311 AGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTT 2370

Db       2567 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2626

Qy       2371 TACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATG 2430

Db       2627 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2686

Qy       2431 CATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGG 2490

Db       2687 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2746

Qy       2491 GACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATC 2550

Db       2747 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2806

Qy       2551 AGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAG 2610
                                                                    ||||||
Db       2807 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNTGACAG 2866

Qy       2611 CAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGA 2670
              |||||||||||||||||| ||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Db       2867 CAGCCATGCCCCCATCTGTTCTGCCCTCTTGTAACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGA 2926

Qy       2671 GAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTT 2730
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2927 GAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTT 2986

Qy       2731 CTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTA 2790
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2987 CTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTA 3046

Qy       2791 GTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATT 2850
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3047 GTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATT 3106

Qy       2851 TTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGA 2910
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Db       3107 TTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTNAGA 3166

Qy       2911 GAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTG 2970
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3167 GAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTG 3226

Qy       2971 GAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCG 3030
              |:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3227 GWATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCG 3286

Qy       3031 GACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTA 3090
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3287 GACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTA 3346

Qy       3091 TAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAG 3150
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3347 TAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAG 3406

Qy       3151 TTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCA 3210
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3407 TTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCA 3466

Qy       3211 AGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATG---------------------GGAAAGAT 3249
              |||||||||||||||||||||                               ||||||||
Db       3467 AGATTCAGAAGGTTTGTAACANNNNNNNNNNNNGAGCCAAGATTCGGCACGAGGAAAGAT 3526

Qy       3250 ACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGC 3309
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3527 ACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGC 3586

Qy       3310 TATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATG 3369
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3587 TATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATG 3646

Qy       3370 CGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCA 3429
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3647 CGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCA 3706

Qy       3430 ATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTT 3489
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3707 ATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTT 3766

Qy       3490 GTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGC 3549
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3767 GTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGC 3826

Qy       3550 AGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGC 3609
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3827 AGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGC 3886

Qy       3610 CCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATC 3669
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3887 CCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATC 3946

Qy       3670 CTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAG 3729
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3947 CTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAG 4006

Qy       3730 TTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACG 3789
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4007 TTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACG 4066

Qy       3790 TTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
              ||||||||||||||||||||||||
Db       4067 TTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 4090

Search completed: December 18, 2006, 21:40:51
Job time : 3883.64 secs
```

```
                   GenCore version 5.1.9
          Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on:         December 18, 2006, 17:00:26 ; Search time 757.887 Seconds
                                          (without alignments)
                                          10686.273 Million cell updates/sec

Title:          US-10-616-101-2
Perfect score:  3816
Sequence:       1 cgcgctgctccgcccgccgc..........cctttgctgaaaaaaaaaa 3816

Scoring table:  IDENTITY_NUC
                Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched:       3026960 seqs, 1061187768 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      6053920

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       Published_Applications_NA_New:*
                1:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpna/US09_NEW_PUB.seq:*
                2:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpna/US06_NEW_PUB.seq:*
                3:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpna/US07_NEW_PUB.seq:*
                4:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpna/US08_NEW_PUB.seq:*
                5:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpna/PCT_NEW_PUB.seq:*
                6:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpna/US10_NEW_PUB.seq:*
                7:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpna/US11_NEW_PUB.seq:*
                8:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpna/US11_NEW_PUB.seq1:*
                9:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpna/US11_NEW_PUB.seq2:*
                10:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpna/US11_NEW_PUB.seq3:*
                11:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpna/US60_NEW_PUB.seq:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                                SUMMARIES
                     %
Result              Query
  No.     Score     Match Length DB ID                          Description
-------------------------------------------------------------------------------
     1  3791.4   99.4   6189  8  US-11-266-748A-23750      Sequence 23750, A
     2  3724.8   97.6   3815  8  US-11-266-748A-23602      Sequence 23602, A
     3    1885   49.4   4134  8  US-11-266-748A-29428      Sequence 29428, A
     4  1796.4   47.1   8901  8  US-11-266-748A-22929      Sequence 22929, A
     5   663.8   17.4    675  8  US-11-266-748A-251004     Sequence 251004,
c    6   663.8   17.4    675  8  US-11-266-748A-311521     Sequence 311521,
     7     570   14.9    594  8  US-11-266-748A-99554      Sequence 99554, A
c    8     570   14.9    594  8  US-11-266-748A-152365     Sequence 152365,
     9   535.6   14.0    929  8  US-11-266-748A-189602     Sequence 189602,
    10   533.6   14.0    564  8  US-11-266-748A-55144      Sequence 55144, A
    11   533.6   14.0    564  8  US-11-266-748A-217436     Sequence 217436,
c   12   515.6   13.5    668  8  US-11-266-748A-165504     Sequence 165504,
    13   515.6   13.5    668  8  US-11-266-748A-244089     Sequence 244089,
    14   503.2   13.2   1000  8  US-11-266-748A-116071     Sequence 116071,
c   15   503.2   13.2   1000  8  US-11-266-748A-158235     Sequence 158235,
    16   503.2   13.2   1000  8  US-11-266-748A-221377     Sequence 221377,
    17   503.2   13.2   1000  8  US-11-266-748A-286109     Sequence 286109,
c   18   503.2   13.2   1000  8  US-11-266-748A-337538     Sequence 337538,
    19   503.2   13.2   1000  8  US-11-266-748A-396481     Sequence 396481,
c   20   503.2   13.2   1000  8  US-11-266-748A-467527     Sequence 467527,
c   21   336.8    8.8    566  8  US-11-266-748A-379999     Sequence 379999,
    22   336.8    8.8    566  8  US-11-266-748A-463378     Sequence 463378,
    23   289.8    7.6    313  8  US-11-266-748A-8589       Sequence 8589, Ap
    24   271.8    7.1    571  6  US-10-513-369-3203        Sequence 3203, Ap
    25     267    7.0    388  8  US-11-266-748A-272728     Sequence 272728,
c   26     267    7.0    388  8  US-11-266-748A-333245     Sequence 333245,
    27   211.8    5.6    654  8  US-11-266-748A-380066     Sequence 380066,
c   28   211.8    5.6    654  8  US-11-266-748A-463445     Sequence 463445,
c   29     112    2.9    204  8  US-11-266-748A-174653     Sequence 174653,
    30     112    2.9    204  8  US-11-266-748A-246075     Sequence 246075,
    31    97.4    2.6  14771  8  US-11-266-748A-56688      Sequence 56688, A
    32      94    2.5    292  6  US-10-834-268-3160        Sequence 3160, Ap
    33    90.8    2.4   4213  8  US-11-293-697-794         Sequence 794, App
    34    90.8    2.4   6278  8  US-11-266-748A-32152      Sequence 32152, A
    35    90.8    2.4  12518  8  US-11-266-748A-32784      Sequence 32784, A
    36    83.8    2.2   2925  8  US-11-266-748A-25093      Sequence 25093, A
    37    82.2    2.2   4631  8  US-11-266-748A-23775      Sequence 23775, A
    38    81.2    2.1   1517  8  US-11-216-545-3622        Sequence 3622, Ap
    39    80.2    2.1   4408  8  US-11-266-748A-22278      Sequence 22278, A
    40    79.8    2.1   1416  8  US-11-266-748A-187459     Sequence 187459,
    41    79.6    2.1   1512  8  US-11-216-545-3623        Sequence 3623, Ap
c   42    79.6    2.1   3066  6  US-10-374-780A-1815       Sequence 1815, Ap
    43    77.8    2.0   1210  6  US-10-374-780A-1819       Sequence 1819, Ap
    44    77.4    2.0   1152  7  US-11-371-354-2096        Sequence 2096, Ap
    45    77.4    2.0   1152  7  US-11-371-354-7246        Sequence 7246, Ap
```

```
                              ALIGNMENTS

RESULT 1
US-11-266-748A-23750
; Sequence 23750, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 23750
;   LENGTH: 6189
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-23750

  Query Match             99.4%;  Score 3791.4;  DB 8;  Length 6189;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 3806;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          1 CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 60
              ||||||||  |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        157 CGCGCTGCCTCCGCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG 216
```

```
Qy         61 TGGGCGCGGCCCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 120
              ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        217 TGGGCGCGG-CCATGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG 275

Qy        121 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        276 CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC 335

Qy        181 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        336 TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT 395

Qy        241 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        396 GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC 455

Qy        301 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        456 GAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGC 515

Qy        361 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        516 CTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCG 575

Qy        421 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        576 CAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAG 635

Qy        481 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        636 CACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAG 695

Qy        541 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        696 TAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATA 755

Qy        601 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        756 CTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGC 815

Qy        661 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        816 ATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATC 875

Qy        721 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        876 CATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCA 935

Qy        781 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        936 GGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACG 995

Qy        841 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        996 CAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGA 1055

Qy        901 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1056 TTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGG 1115

Qy        961 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1116 TACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGC 1175

Qy       1021 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1176 ATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTT 1235

Qy       1081 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1236 CTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGC 1295

Qy       1141 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1296 TCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGAT 1355

Qy       1201 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1356 TAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTC 1415

Qy       1261 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1416 GAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAA 1475

Qy       1321 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1476 CAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGT 1535

Qy       1381 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1536 TGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACG 1595

Qy       1441 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1596 TGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGG 1655

Qy       1501 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1656 TTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATC 1715

Qy       1561 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1716 TACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGG 1775

Qy       1621 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1776 GCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCT 1835

Qy       1681 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1836 CATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCG 1895

Qy       1741 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1896 AAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTC 1955

Qy       1801 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1956 AGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGC 2015

Qy       1861 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2016 TACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATG 2075

Qy       1921 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2076 CATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTA 2135

Qy       1981 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2136 ATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATG 2195

Qy       2041 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAA 2100
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db       2196 AAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAA 2255

Qy       2101 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2256 ATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAG 2315

Qy       2161 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2316 ATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTT 2375

Qy       2221 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2376 CTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAG 2435

Qy       2281 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2436 CAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGA 2495

Qy       2341 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2496 ATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAG 2555

Qy       2401 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2556 ATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTT 2615

Qy       2461 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2616 TCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAG 2675

Qy       2521 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2676 CCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTT 2735

Qy       2581 CAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2640
              |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2736 CAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTT 2795

Qy       2641 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2796 GTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCT 2855

Qy       2701 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2856 CTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTG 2915

Qy       2761 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2916 GGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTT 2975

Qy       2821 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2976 TGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTG 3035

Qy       2881 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3036 GACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTG 3095

Qy       2941 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3096 AGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAAC 3155

Qy       3001 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3156 TAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTT 3215

Qy       3061 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3216 TGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTC 3275

Qy       3121 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3276 AGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAG 3335

Qy       3181 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3336 GTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTAT 3395

Qy       3241 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3396 GGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATG 3455

Qy       3301 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3456 AACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATG 3515

Qy       3361 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3516 AAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTT 3575

Qy       3421 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3576 CCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAG 3635

Qy       3481 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3636 ACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGT 3695

Qy       3541 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3696 CTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCA 3755

Qy       3601 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3756 CTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAAC 3815

Qy       3661 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3816 AGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATG 3875

Qy       3721 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3876 GATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTG 3935

Qy       3781 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
              |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3936 GCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3968

RESULT 2
US-11-266-748A-23602
; Sequence 23602, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 23602
;   LENGTH: 3815
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-23602

  Query Match             97.6%;  Score 3724.8;  DB 8;  Length 3815;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
```

```
Matches 3726;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy    86 GGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGGCCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGG 145
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1 GGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGGCCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGG 60

Qy   146 CCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGCTCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGC 205
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    61 CCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGCTCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGC 120

Qy   206 TGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCTGCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGC 265
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   121 TGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCTGCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGC 180

Qy   266 GAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAA 325
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   181 GAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAGAGCTGTTCGAGGCGTGCCGCAA 240

Qy   326 CGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACAC 385
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   241 CGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACAC 300

Qy   386 GGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGT 445
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   301 GGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAGGTTTTGGGCGGAAAGACGTAGT 360

Qy   446 TGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCC 505
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   361 TGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCC 420

Qy   506 TCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGG 565
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   421 TCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGG 480

Qy   566 TGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAA 625
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   481 TGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAA 540

Qy   626 AGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAA 685
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   541 AGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAA 600

Qy   686 TACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGG 745
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   601 TACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGG 660

Qy   746 TGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGAT 805
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   661 TGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGAT 720

Qy   806 GGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCC 865
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   721 GGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCC 780

Qy   866 ATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGG 925
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   781 ATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGG 840

Qy   926 AGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTA 985
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   841 AGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTA 900

Qy   986 TGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGA 1045
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   901 TGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGA 960

Qy  1046 CTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTC 1105
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   961 CTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTC 1020

Qy  1106 TCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTAT 1165
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1021 TCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTAT 1080

Qy  1166 AGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTC 1225
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1081 AGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTC 1140

Qy  1226 GTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGA 1285
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1141 GTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGA 1200

Qy  1286 AATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATC 1345
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1201 AATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATC 1260

Qy  1346 TCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAA 1405
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1261 TCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAA 1320

Qy  1406 TGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGA 1465
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1321 TGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGA 1380

Qy  1466 TGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCA 1525
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1381 TGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCA 1440

Qy  1526 GACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAG 1585
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1441 GACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAG 1500

Qy  1586 CTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAA 1645
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1501 CTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAA 1560

Qy  1646 TGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAG 1705
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1561 TGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAG 1620

Qy  1706 ACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGT 1765
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1621 ACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGT 1680

Qy  1766 TCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGC 1825
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1681 TCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGC 1740

Qy  1826 TGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGC 1885
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1741 TGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGC 1800

Qy  1886 TAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGT 1945
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1801 TAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGT 1860

Qy  1946 TGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTAC 2005
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1861 TGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTAC 1920

Qy  2006 ACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCA 2065
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1921 ACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCA 1980

Qy  2066 TGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGA 2125
         ||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1981 TGGTGCAGACCCTACAAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGA 2040

Qy  2126 TGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAA 2185
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2041 TGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAA 2100

Qy  2186 GAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGA 2245
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2101 GAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGA 2160
```

```
Qy       2246 TACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGT 2305
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 TACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGT 2220

Qy       2306 TGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTAT 2365
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 TGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTAT 2280

Qy       2366 TCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTA 2425
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTA 2340

Qy       2426 TAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCA 2485
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 TAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCA 2400

Qy       2486 AAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAA 2545
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 AAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAA 2460

Qy       2546 AAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCT 2605
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||
Db       2461 AAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCT 2520

Qy       2606 GACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGG 2665
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 GACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGG 2580

Qy       2666 TGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAG 2725
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 TGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAG 2640

Qy       2726 CCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGT 2785
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 CCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGT 2700

Qy       2786 AGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGT 2845
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 AGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGT 2760

Qy       2846 AGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATT 2905
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 AGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATT 2820

Qy       2906 TGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGA 2965
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 TGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGA 2880

Qy       2966 GATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTAT 3025
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTAT 2940

Qy       3026 CTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAAT 3085
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAAT 3000

Qy       3086 TCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAG 3145
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAG 3060

Qy       3146 TACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATAT 3205
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATAT 3120

Qy       3206 TCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAA 3265
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAA 3180

Qy       3266 AGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCC 3325
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 AGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCC 3240

Qy       3326 TTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTAT 3385
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 TTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTAT 3300

Qy       3386 GTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGG 3445
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGG 3360

Qy       3446 AATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAG 3505
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 AATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAG 3420

Qy       3506 GCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAA 3565
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 GCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAA 3480

Qy       3566 AATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCT 3625
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 AATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCT 3540

Qy       3626 AGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTAC 3685
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 AGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTAC 3600

Qy       3686 TTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTA 3745
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 TTACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTA 3660

Qy       3746 ATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTG 3805
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 ATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTG 3720

Qy       3806 AAAAAAAA 3813
              ||||||||
Db       3721 AAAAAAAA 3728
```

```
RESULT 3
US-11-266-748A-29428
; Sequence 29428, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 29428
;   LENGTH: 4134
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-29428
```

```
Query Match             49.4%;  Score 1885;  DB 8;  Length 4134;
Best Local Similarity   72.1%;  Pred. No. 0;
Matches 2496;  Conservative    0;  Mismatches  940;  Indels   27;  Gaps    2;

Qy    252 GGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCCGAGAGCTGTTC 311
          || || ||  |  |  |  | | || |   || |||     ||||   || || ||| | 
Db    507 GGGGCAGCAGGACCTGGGACAGGGGTCCCAGCAGTGAGCGGGGCCCTACGGGAACTGCTG 566

Qy    312 GAGGCGTGCCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGGCTGGTGACGCCTGAGAAGGTG 371
          ||||| || ||||| |||||||||   || || |||||||||||    | |  || || 
Db    567 GAGGCCTGTCGCAATGGGGACGTGTCCCGGGTAAAGAGGCTGGTGGACGCGGCAAACGTA 626

Qy    372 AACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCGCCGCAGGTTTTGGG 431
          ||       |||| ||| ||| |||| ||  | || ||||||||||| ||||||||||| 
Db    627 AATGCAAAGGACATGGCCGGCCGGAAGTCTTCTCCCCTGCACTTCGCTGCAGGTTTTGGA 686

Qy    432 CGGAAAGACGTAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCACGTGATGAT 491
           |||| || || || ||| | || || ||||  ||||| |||||||| || |||||||||
Db    687 AGGAAGGATGTTGTAGAACACTTACTACAGATGGGTGCTAATGTCCACGCTCGTGATGAT 746

Qy    492 GGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTC 551
          || || || || || ||||||||||| || |||||||| |||||||| || || | ||| 
Db    747 GGAGGTCTCATCCCGCTTCATAATGCCTGTTCTTTTGGCCATGCTGAGGTTGTGAGTCTG 806

Qy    552 CTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCAT 611
           | ||| | || || || || || ||||| | ||||| ||||| ||||| ||||| |||
Db    807 TTATTGTGCCAAGGAGCTGATCCAAATGCCAGGGATAACTGGAACTATACACCTCTGCAT 866

Qy    612 GAAGCTGCAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAG 671
          |||||||| |||||||| ||||| ||||| |||||||||||||| | ||||| |||||||| 
Db    867 GAAGCTGCTATTAAAGGGAAGATCGATGTGTGCATTGTGCTGCTGCAGCACGGAGCTGAC 926

Qy    672 CCAACCATCCGAAATACAGATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAA 731
          |||| ||| || || || |||| |   ||||  ||||  | |||||||| || || |||
Db    927 CCAAACATTCGGAACACTGATGGGAAATCAGCCCTGGACCTGGCAGATCCTTCAGCAAAA 986

Qy    732 GCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAAT 791
          || || ||||| |||||||| |||||||| |||||| |||||  ||| |||||||| |||
Db    987 GCTGTCCTTACAGGTGAATACAAGAAAGACGAACTCCTAGAAGCTGCTAGGAGTGGTAAT 1046

Qy    792 GAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGC 851
          ||||||||| | |||||| |||| || ||  ||||||| || ||||| ||||||||||||| 
Db   1047 GAAGAAAAACTAATGGCTTTACTGACTCCTCTAAATGTGAATTGCCATGCAAGTGATGGG 1106

Qy    852 AGAAAGTCAACTCCATTACATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTG 911
           ||||||| ||||| ||||||| | ||||| || || ||||||||    || || ||||| 
Db   1107 CGAAAGTCGACTCCTTTACATCTAGCAGCGGGCTACAACAGAGTTCGAATAGTTCAGCTT 1166

Qy    912 TTACTGCAACATGGAGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACAC 971
           | || || ||||| ||||||| ||||| ||||| ||||||||  || || ||  | || 
Db   1167 CTTCTTCAGCATGGTGCTGATGTTCATGCAAAAGACAAAGGTGGACTTGTGCCTCTTCAT 1226

Qy    972 AATGCCTGTTCTTATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGT 1031
          ||||| ||||| ||||| ||||||||||| || |||||  |  | |||||||| || |||
Db   1227 AATGCATGTTCATATGGACATTATGAAGTCACAGAACTGCTACTAAAGCATGGAGCTTGT 1286

Qy   1032 GTAAATGCAATGGACTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGG 1091
          || ||||| |||||  | |||| || ||||| || || || |||| ||||| |||||| | 
Db   1287 GTTAATGCCATGGATCTCTGGCAGTTTACTCCACTGCACGAGGCTGCTTCCAAGAACCGT 1346

Qy   1092 GTTGAAGTATGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCAC 1151
          || ||||| || ||| |  |  | ||  |||| || || || ||  |  |||| || || 
Db   1347 GTAGAAGTCTGCTCTTTGTTACTTAGCCATGGCGCTGATCCTACGTTAGTCAACTGCCAT 1406

Qy   1152 AATAAAAGTGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAA 1211
             ||||||||| | ||  ||||||| || ||  || | |  || |||||  | ||||||
Db   1407 GGCAAAAGTGCTGTGGATATGGCTCCAACTCCGGAGCTTAGGGAGAGATTGACTTATGAA 1466

Qy   1212 TTTAAAGGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAA 1271
          |||||||| || || || || ||||| ||  ||||||| ||  |  ||  | | ||||||
Db   1467 TTTAAAGGTCATTCTTTACTACAAGCAGCCAGAGAAGCAGACTTAGCTAAAGTTAAAAAA 1526

Qy   1272 CATCTCTCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCAT 1331
             ||| ||||||||||  | |||||||| || || ||  | |||||||||||| |||| 
Db   1527 ACACTCGCTCTGGAAATCATTAATTTCAAACAACCGCAGTCTCATGAAACAGCACTGCAC 1586

Qy   1332 TGTGCTGCTGCATCTCCATATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAA 1391
          |||||||  || ||||   ||||||| | || ||| |    ||| |||| || ||||||
Db   1587 TGTGCTGTGGCCTCTCTGCATCCCAAACGTAAACAAGTGACAGAATTGTTACTTAGAAAA 1646

Qy   1392 GGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAG 1451
          ||||||||  | |||||||| | |||||| ||| |||||||| ||||| || ||| | || 
Db   1647 GGAGCAAATGTTAATGAAAAAAATAAAGATTTCATGACTCCCCTGCATGTTGCAGCCGAA 1706

Qy   1452 AAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTG 1511
          | ||| |||||||||||  | |||||  ||   || ||||  || ||| | ||||| |||
Db   1707 AGAGCCCATAATGATGTCATGGAAGTTCTGCATAAGCATGGCGCCAAGATGAATGCACTG 1766

Qy   1512 GATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGC 1571
          || |  |||||||||||| || | || |||||| ||       || || || || ||||||
Db   1767 GACACCCTTGGTCAGACTGCTTTGCATAGAGCCGCCCTAGCAGGCCACCTGCAGACCTGC 1826

Qy   1572 CGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCT 1631
          ||||| || ||||| || || | ||| || ||| || ||| || | || ||||| || || 
Db   1827 CGCCTCCTGCTGAGTTACGGCTCTGACCCCTCCATCATCTCCTTACAAGGCTTCACAGCA 1886

Qy   1632 TTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAAT 1691
            ||||||||| ||||||   || |||||  | ||    ||| |||   |  || ||| |
Db   1887 GCACAGATGGGCAATGAAGCAGTGCAGCAGATTCTGAGTGAGAGTACACCTATACGTACT 1946

Qy   1692 TCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAA 1751
          || || |  ||    | | |  | || ||  | || ||||||||  | |||||||| || 
Db   1947 TCTGATGTTGATTATCGACTCTTAGAGGCATCTAAAGCTGGAGACTTGGAAACTGTGAAG 2006

Qy   1752 AAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCA 1811
           |||| || |    ||| | ||| || || |||||| | || || || || || || || 
Db   2007 CAACTTTGCAGCTCTCAAAATGTGAATTGTAGAGACTTAGAGGGCCGGCATTCCACGCCC 2066

Qy   1812 CTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGA 1871
           | || || ||||| || || ||| | |||| || || || || || |||||||| || || 
Db   2067 TTACACTTCGCAGCAGGCTACAACCGCGTGTCTGTTGTAGAGTACCTGCTACACCACGGT 2126

Qy   1872 GCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTAT 1931
          || ||||| ||||| ||||| || || ||| | || ||  | || ||||| ||||| |||
Db   2127 GCCGATGTCCATGCCAAAGACAAGGGTGGCTTGGTGCCCCTTCATAATGCCTGTTCATAT 2186

Qy   1932 GGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGAT 1991
          ||||| |||||| || || || ||| | || |  ||||| ||    || |||| || || 
Db   2187 GGACACTATGAGGTGGCTGAGCTTTTAGTAAGGCATGGGGCTTCTGTCAATGTGGCGGAC 2246

Qy   1992 TTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAA 2051
          |||||||||||||| ||| | |||||||||||||| ||||||||| ||||||| ||||| 
Db   2247 TTATGGAAATTTACCCCTCTCCATGAAGCAGCAGCTAAAGGAAAGTATGAAATCTGCAAG 2306

Qy   2052 CTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTG 2111
          || ||     | ||||| |||| || || ||||| |||| ||||||||||||| ||||||
Db   2307 CTCCTTTTAAAACATGGAGCAGATCCAACTAAAAAGAACAGAGATGGAAATACACCTTTG 2366

Qy   2112 GATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTG 2171
          ||| | || || || ||||| ||||||||||| || ||  | || |  || |||| ||||||
Db   2367 GATTTGGTAAAGGAAGGAGACACAGATATTCAGGACTTACTGAAAGGGGATGCTGCTTTG 2426

Qy   2172 CTAGATGCTGCCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAAT 2231
           | ||||||||||||||||| ||  | || |||||| |||| | | | | || || |||
Db   2427 TTGGATGCTGCCAAGAAGGGCTGCCTGGCAAGAGTGCAGAAGCTCTGTACCCCAGAGAAT 2486

Qy   2232 GTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTAT 2291
           | || ||| | || ||||| |||||| |||||| ||| | ||  | ||||| || |||
Db   2487 ATCAACTGCAGAGACACCCAGGGCAGAAATTCAACCCCTCTGCACCTGGCAGCAGGCTAT 2546

Qy   2292 AATAATTTAGAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGAC 2351
          |||||  | ||||| || || ||| |  || | || |||||||||| ||||||| |||
Db   2547 AATAACCTGGAAGTAGCTGAATATCTTCTAGAGCATGGAGCTGATGTTAATGCCCAGGAC 2606

Qy   2352 AAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCT 2411
          || || ||  | |||||| | |||||||| |||||||| |||||||| ||  |||| |||
Db       2607 AAGGGTGGTTTAATTCCTCTTCATAATGCGGCATCTTATGGGCATGTTGACATAGCGGCT 2666

Qy       2412 CTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTG 2471
               || | ||||| || ||  | ||||| ||||| || || || ||||| || ||  |
Db       2667 TTATTGATAAAATACAACACGTGTGTAAATGCAACAGATAAGTGGGCGTTTACTCCCCTC 2726

Qy       2472 CACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCT 2531
              || ||||||||||||| || ||| | || ||||| || || ||  |  | |||||| ||||| ||
Db       2727 CATGAAGCAGCCCAGAAAGGAAGGACGCAGCTGTGCGCCCTCCTCCTAGCGCATGGTGCA 2786

Qy       2532 GACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGAT 2591
              ||||| ||  | || || ||||||| || || ||| | ||| | |   |||| || |||
Db       2787 GACCCCACCATGAAGAACCAGGAAGGCCAGACGCCTCTGGATCTGGCAACAGCTGACGAT 2846

Qy       2592 GTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCT 2651
               |||| ||| | |||| ||  ||||||||||||   ||  | ||  | ||||  || |||
Db       2847 ATCAGAGCTTTGCTGATAGATGCCATGCCCCCAGAGGCCTTACCTACCTGTTTTAAACCT 2906

Qy       2652 CAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCA 2711
              || |                     ||        |   ||||    |||    ||
Db       2907 CAGG---------------------CTACTGTAGTGAGTGCCTCTCTGATCTCACCAGCA 2945

Qy       2712 TCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCA 2771
              || | ||| ||  |||| || || ||||||||  | |||||| |  ||||   |||  ||
Db       2946 TCCACCCCCTCCTGCCTCTCGGCTGCCAGCAGCATAGACAACCTCACTGGCCCTTTAGCA 3005

Qy       2772 GAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAG 2831
              ||  || |   || ||     || | || |   || |  ||  |  |    || |  |||
Db       3006 GAGTTGGCCGTAGGAGGAGCCTCCAATGCAGGGGATGGCGCCGCGGGAACAGAAAGGAAG 3065

Qy       2832 ------GAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTT 2885
                    || ||| | ||  | || | |   || |  |||||  |||  |  ||||| |||
Db       3066 GAAGGAGAAGTTGCTGGTCTTGACATGAATATCAGCCAATTTCTAAAAAGCCTTGGCCTT 3125

Qy       2886 GAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATG 2945
              || |||||   |||||| ||||| | |||||||| ||  | ||||| ||  | ||| |||
Db       3126 GAACACCTTCGGGATATCTTTGAAACAGAACAGATTACACTAGATGTGTTGGCTGATATG 3185

Qy       2946 GGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATT 3005
              || ||  | ||| |||| || || || ||||||||| ||||| ||  | ||||||| ||||
Db       3186 GGTCATGAAGAGTTGAAAGAAATAGGCATCAATGCATATGGGCACCGCCACAAATTAATC 3245

Qy       3006 AAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAAC 3065
              |||||||| || |||||  |    |||||||||||    || || ||||| |||||  ||
Db       3246 AAAGGAGTAGAAAGACTCTTAGGTGGACAACAAGGCACCAATCCTTATTTGACTTTTCAC 3305

Qy       3066 ACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCT 3125
                   |  |   ||||| ||| |  | |||||  |||| || |||||||| | ||||||
Db       3306 TGTGTTAATCAGGGAACGATTTTGCTGGATCTTGCTCCAGAAGATAAAGAATATCAGTCA 3365

Qy       3126 GTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGA 3185
              ||||| |||||||||||||||||  ||||||| |||||||||||| ||| |||| || ||
Db       3366 GTGGAAGAAGAGATGCAAAGTACTATTCGAGAACACAGAGATGGTGGTAATGCTGGCGGC 3425

Qy       3186 ATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAA 3245
              |||||||||||||||||| |  |    ||||| || |||   ||||||||  |  ||||
Db       3426 ATCTTCAACAGATACAATGTCATTCGAATTCAAAAAGTTGTCAACAAGAAGTTGAGGGAG 3485

Qy       3246 AGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGA 3305
               | | |   |||||    || ||||| ||||| || || ||||||||||  |||||| ||
Db       3486 CGGTTCTGCCACCGACAGAAGGAAGTGTCTGAGGAGAATCACAACCATCACAATGAGCGC 3545

Qy       3306 ATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGG 3365
              ||| | ||||||||| |||||||||  | |||| ||||| || ||||| ||||||||  |
Db       3546 ATGTTGTTTCATGGTTCTCCTTTCATTAATGCCATTATTCATAAAGGGTTTGATGAGCGA 3605

Qy       3366 CATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAA 3425
              ||||| ||||||||| || ||||||||| || ||||||||||||||||||||| || |||
Db       3606 CATGCATACATAGGAGGAATGTTTGGGGCCGGGATTTATTTTGCTGAAAACTCCTCAAAA 3665

Qy       3426 AGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGA 3485
              ||||| ||||||||| |||||||||||||||||| || || || ||    ||||| |||||
Db       3666 AGCAACCAATATGTTTATGGAATTGGAGGAGGAACAGGCTGCCCTACACACAAGGACAGG 3725

Qy       3486 TCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTC 3545
              || || || || || |||||  ||  |||||||| ||  | || ||| |||| || || ||
Db       3726 TCATGCTATATATGTCACAGACAAATGCTCTTCTGTAGAGTGACCCTTGGGAAATCCTTT 3785

Qy       3546 CTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGT 3605
              |||||||| ||  | |||||||||||| ||  | ||||||||| || ||||||||| ||||
Db       3786 CTGCAGTTTAGCACCATGAAAATGGCCCACGCGCCTCCAGGGCACCACTCAGTCATTGGT 3845

Qy       3606 AGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCT 3665
              || || || || ||||| || ||||  |||||||||||| || |||||||||||||||||
Db       3846 AGACCGAGCGTCAATGGGCTGGCATATGCTGAATATGTCATCTACAGAGGAGAACAGGCA 3905

Qy       3666 TATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAG 3708
              || || |||||| | || ||||||||||| |||| ||| ||||
Db       3906 TACCCAGAGTATCTTATCACTTACCAGATCATGAAGCCAGAAG 3948
```

```
RESULT 4
US-11-266-748A-22929
; Sequence 22929, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 22929
;   LENGTH: 8901
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-22929

  Query Match             47.1%;  Score 1796.4;  DB 8;  Length 8901;
  Best Local Similarity   72.5%;  Pred. No. 0;
  Matches 2366;  Conservative    0;  Mismatches  871;  Indels   27;  Gaps    2;

Qy        451 ATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGTCCAAGCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTC 510
              | || || ||||  ||||| |||||||| || ||||||||||| || || || || ||||
Db          2 ACTTACTACAGATGGGTGCTAATGTCCACGCTCGTGATGATGGAGGTCTCATCCCGCTTC 61

Qy        511 ATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAG 570
              ||||||| || |||||||| |||||||| || || | |||  | ||| | || || || |
Db         62 ATAATGCCTGTTCTTTTGGCCATGCTGAGGTTGTGAGTCTGTTATTGTGCCAAGGAGCTG 121

Qy        571 ACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTGCAATTAAAGGAA 630
              | || |||||  | ||||| ||||| ||||| ||||| ||||||||||| |||||||| |
Db        122 ATCCAAATGCCAGGGATAACTGGAACTATACACCTCTGCATGAAGCTGCTATTAAAGGGA 181

Qy        631 AGATTGATGTTTGCATTGTGCTGTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAG 690
              |||| ||||| |||||||||||| | ||||| |||||||| |||| ||| || || || |
Db      182 AGATCGATGTGTGCATTGTGCTGCTGCAGCACGGAGCTGACCCAAACATTCGGAACACTG 241

Qy      691 ATGGAAGGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAAT 750
            |||| |   ||||  ||||  | |||||||| || || ||||| || |||| |||||||
Db      242 ATGGGAAATCAGCCCTGGACCTGGCAGATCCTTCAGCAAAAGCTGTCCTTACAGGTGAAT 301

Qy      751 ATAAGAAAGATGAACTCTTAGAAAGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTC 810
            | |||||||| |||||| ||||||  ||| |||||||| |||||||||||| | ||||||| 
Db      302 ACAAGAAAGACGAACTCCTAGAAGCTGCTAGGAGTGGTAATGAAGAAAAACTAATGGCTT 361

Qy      811 TACTCACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAGTGATGGCAGAAAGTCAACTCCATTAC 870
            |||| || ||  ||||||| || ||||| ||||||||||  ||||||| ||||| ||||
Db      362 TACTGACTCCTCTAAATGTGAATTGCCATGCAAGTGATGGGCGAAAGTCGACTCCTTTAC 421

Qy      871 ATTTGGCAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTG 930
            || | ||||| || || ||||||    || || |||||  | || || ||||| ||||
Db      422 ATCTAGCAGCGGGCTACAACAGAGTTCGAATAGTTCAGCTTCTTCTTCAGCATGGTGCTG 481

Qy      931 ATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCATTACACAATGCCTGTTCTTATGGTC 990
            |||| ||||| ||||| |||||||  || || ||  | ||  ||||| ||||| ||||| |
Db      482 ATGTTCATGCAAAAGACAAAGGTGGACTTGTGCCTCTTCATAATGCATGTTCATATGGAC 541

Qy      991 ATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCCTGTGTAAATGCAATGGACTTGT 1050
            |||||||||| || |||||  |  | |||||||| || ||||| |||||  |  | |
Db      542 ATTATGAAGTCACAGAACTGCTACTAAAGCATGGAGCTTGTGTTAATGCCATGGATCTCT 601

Qy     1051 GGCAATTCACTCCTCTTCATGAGGCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCTCTTC 1110
            |||| || ||||| || || ||||| ||||| |||||| | || ||||| || ||| |  
Db      602 GGCAGTTTACTCCACTGCACGAGGCTGCTTCCAAGAACCGTGTAGAAGTCTGCTCTTTGT 661

Qy     1111 TCTTAAGTTATGGTGCAGACCCAACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTATAGACT 1170
            |  | ||  |||| || || || ||  |  |||| || ||    |||||||||| | ||  
Db      662 TACTTAGCCATGGCGCTGATCCTACGTTAGTCAACTGCCATGGCAAAAGTGCTGTGGATA 721

Qy     1171 TGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGATTAGCATATGAATTTAAAGGCCACTCGTTGC 1230
            ||||||| ||  ||  || | |  || |||||  | |||||||||||||| || || || |
Db      722 TGGCTCCAACTCCGGAGCTTAGGGAGAGATTGACTTATGAATTTAAAGGTCATTCTTTAC 781

Qy     1231 TGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTGGAAATGG 1290
            | ||||| ||  ||||||| ||  |  ||  | | |||||||   ||| ||||||||||  
Db      782 TACAAGCAGCCAGAGAAGCAGACTTAGCTAAAGTTAAAAAAACACTCGCTCTGGAAATCA 841

Qy     1291 TGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGCATCTCCAT 1350
            | |||||||| || || ||  | ||||||||||||| |||| |||||||  || ||||   
Db      842 TTAATTTCAAACAACCGCAGTCTCATGAAACAGCACTGCACTGTGCTGTGGCCTCTCTGC 901

Qy     1351 ATCCCAAAAGAAAGCAAATATGTGAACTGTTGCTAAGAAAAGGAGCAAACATCAATGAAA 1410
            |||||||| | || ||| |    ||| |||| || ||||||||||||||  | |||||||
Db      902 ATCCCAAACGTAAACAAGTGACAGAATTGTTACTTAGAAAAGGAGCAAATGTTAATGAAA 961

Qy     1411 AGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTG 1470
            | | |||||| ||| ||||||| ||||| || ||| | || | ||| ||||||||||||  
Db      962 AAAATAAAGATTTCATGACTCCCCTGCATGTTGCAGCCGAAAGAGCCCATAATGATGTCA 1021

Qy     1471 TTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTT 1530
            | |||||  ||   || ||||  || ||| | ||||| |||||  ||||||||||||||| 
Db     1022 TGGAAGTTCTGCATAAGCATGGCGCCAAGATGAATGCACTGGACACCCTTGGTCAGACTG 1081

Qy     1531 CTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATG 1590
            || | || ||||| ||       || || || || |||||||||||| || ||||| || |
Db     1082 CTTTGCATAGAGCCGCCCTAGCAGGCCACCTGCAGACCTGCCGCCTCCTGCTGAGTTACG 1141

Qy     1591 GGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAA 1650
            | | ||| ||   ||| || ||| | || ||||| || ||   ||||||||| |||||| 
Db     1142 GCTCTGACCCCTCCATCATCTCCTTACAAGGCTTCACAGCAGCACAGATGGGCAATGAAG 1201

Qy     1651 ATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAAT 1710
              || |||||  | ||    ||| |||   |  || ||| ||| || |  ||    | | 
Db     1202 CAGTGCAGCAGATTCTGAGTGAGAGTACACCTATACGTACTTCTGATGTTGATTATCGAC 1261

Qy     1711 TGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGA 1770
            |  | || ||  | || ||||||||  | |||||||| ||  |||| ||  |    ||| |
Db     1262 TCTTAGAGGCATCTAAAGCTGGAGACTTGGAAACTGTGAAGCAACTTTGCAGCTCTCAAA 1321

Qy     1771 GTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGT 1830
             ||| || || |||||| | || || || || || || ||  | || || ||||| || |
Db     1322 ATGTGAATTGTAGAGACTTAGAGGGCCGGCATTCCACGCCCTTACACTTCGCAGCAGGCT 1381

Qy     1831 ATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAG 1890
            | ||| | |||| || || || || |||||||| || || || ||||| ||||| ||||
Db     1382 ACAACCGCGTGTCTGTTGTAGAGTACCTGCTACACCACGGTGCCGATGTCCATGCCAAAG 1441

Qy     1891 ATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAG 1950
            | || || ||| | || ||  | || |||| ||||| |||||||| ||||| || || |
Db     1442 ACAAGGGTGGCTTGGTGCCCCTTCATAATGCCTGTTCATATGGACACTATGAGGTGGCTG 1501

Qy     1951 AACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTT 2010
            | ||| | || |  |||||  ||    || |||| || || ||||||||| ||||| |||
Db     1502 AGCTTTTAGTAAGGCATGGGGCTTCTGTCAATGTGGCGGACTTATGGAAATTTACCCCTC 1561

Qy     2011 TACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTG 2070
            | |||||||||||||| |||||||| ||||||||| ||||| || ||  |  | ||||| |
Db     1562 TCCATGAAGCAGCAGCTAAAGGAAAGTATGAAATCTGCAAGCTCCTTTTAAAACATGGAG 1621

Qy     2071 CAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAG 2130
            |||| || || ||||| ||||| ||||||||||| ||||||||| | || || || ||||
Db     1622 CAGATCCAACTAAAAAGAACAGAGATGGAAATACACCTTTGGATTTGGTAAAGGAAGGAG 1681

Qy     2131 ATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGG 2190
            | |||||||||||| ||  | || |  || |||| ||||| | ||||||||||||||||
Db     1682 ACACAGATATTCAGGACTTACTGAAAGGGGATGCTGCTTTGTTGGATGCTGCCAAGAAGG 1741

Qy     2191 GTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCC 2250
            | ||  | || |||||| ||||| | | | | || || ||| | || ||| | || ||||
Db     1742 GCTGCCTGGCAAGAGTGCAGAAGCTCTGTACCCCAGAGAATATCAACTGCAGAGACACCC 1801

Qy     2251 AAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTTGCAG 2310
            | |||||| ||||||| ||| | ||  | |||| || ||||||||||  | ||||| || |
Db     1802 AGGGCAGAAATTCAACCCCTCTGCACCTGGCAGCAGGCTATAATAACCTGGAAGTAGCTG 1861

Qy     2311 AGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTT 2370
            | ||| |  || | || |||||||||||| |||||||| ||||| || ||  | |||||| 
Db     1862 AATATCTTCTAGAGCATGGAGCTGATGTTAATGCCCAGGACAAGGGTGGTTTAATTCCTC 1921

Qy     2371 TACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATG 2430
            | |||||||| |||||||| |||||||| ||  |||| ||| || | |||||| || ||  
Db     1922 TTCATAATGCGGCATCTTATGGGCATGTTGACATAGCGGCTTTATTGATAAAATACAACA 1981

Qy     2431 CATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGG 2490
            | ||||| ||||| || || || ||||| || || ||  | || |||||||||||| || |
Db     1982 CGTGTGTAAATGCAACAGATAAGTGGGCGTTTACTCCCCTCCATGAAGCAGCCCAGAAAG 2041

Qy     2491 GACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATC 2550
            || | || ||||| || || |  | ||||| ||||| || ||||| ||  | || || |
Db     2042 GAAGGACGCAGCTGTGCGCCCTCCTCCTAGCGCATGGTGCAGACCCCACCATGAAGAACC 2101

Qy     2551 AGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAG 2610
            ||||||| || || ||| | ||| | |   |||| || || |||| ||| | |||| ||
Db     2102 AGGAAGGCCAGACGCCTCTGGATCTGGCAACAGCTGACGATATCAGAGCTTTGCTGATAG 2161

Qy     2611 CAGCCATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGA 2670
              ||||||||||||   ||  | ||  | ||||  || ||||| |
Db     2162 ATGCCATGCCCCCAGAGGCCTTACCTACCTGTTTTAAACCTCAGG--------------- 2206

Qy     2671 GAAGCCCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTT 2730
                  |     |         |   ||||    |||    |||| | ||| ||  |||| |
Db     2207 ------CTACTGTAGTGAGTGCCTCTCTGATCTCACCAGCATCCACCCCCTCCTGCCTCT 2260

Qy     2731 CTGCAGCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTA 2790
            | || |||||||  | ||||| |  |||   |||  ||||  || | |    || ||   
Db     2261 CGGCTGCCAGCAGCATAGACAACCTCACTGGCCCTTTAGCAGAGTTGGCCGTAGGAGGAG 2320

Qy     2791 GTTCAAGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAG------GAGGTTCCAGGAG 2844
              || | || |   || || ||  |  |    || |  |||      || ||| | ||  
Db     2321 CCTCCAATGCAGGGGATGGCGCCGCGGGAACAGAAAGGAAGGAAGGAGAAGTTGCTGGTC 2380
```

```
Qy       2845 TAGATTTTAGCATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATAT 2904
              | ||  | |  || |  |||||  |||  |  ||||| ||||| |||||   |||||| |
Db       2381 TTGACATGAATATCAGCCAATTTCTAAAAAGCCTTGGCCTTGAACACCTTCGGGATATCT 2440

Qy       2905 TTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGG 2964
              |||| | ||||||||| ||  | ||||| || | ||| ||||| ||  | ||| |||| |
Db       2441 TTGAAACAGAACAGATTACACTAGATGTGTTGGCTGATATGGGTCATGAAGAGTTGAAAG 2500

Qy       2965 AGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTA 3024
              | || || |||||||| ||||| ||  | |||||| |||| |||||||| || |||||
Db       2501 AAATAGGCATCAATGCATATGGGCACCGCCACAAATTAATCAAAGGAGTAGAAAGACTCT 2560

Qy       3025 TCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAA 3084
              |    |||||||||||    || || ||||| |||||  ||     |  |   ||||| |
Db       2561 TAGGTGGACAACAAGGCACCAATCCTTATTTGACTTTTCACTGTGTTAATCAGGGAACGA 2620

Qy       3085 TTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAA 3144
              || |  | |||||  |||| || ||||||||| | |||||| ||||| |||||||||||||
Db       2621 TTTTGCTGGATCTTGCTCCAGAAGATAAAGAATATCAGTCAGTGGAAGAAGAGATGCAAA 2680

Qy       3145 GTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATA 3204
              ||||  ||||||| |||||||||||| ||| |||| || || ||||||||||||||||||
Db       2681 GTACTATTCGAGAACACAGAGATGGTGGTAATGCTGGCGGCATCTTCAACAGATACAATG 2740

Qy       3205 TTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAA 3264
              |  |    ||||| || |||   ||||||||  |  ||||  | | |   |||||    |
Db       2741 TCATTCGAATTCAAAAAGTTGTCAACAAGAAGTTGAGGGAGCGGTTCTGCCACCGACAGA 2800

Qy       3265 AAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTC 3324
              | ||||| ||||| || || |||||||||  |||||| || ||| | |||||||| ||||
Db       2801 AGGAAGTGTCTGAGGAGAATCACAACCATCACAATGAGCGCATGTTGTTTCATGGTTCTC 2860

Qy       3325 CTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTA 3384
              ||||  | |||||| ||||| || ||||| ||||||||  | ||||| |||||||| || |
Db       2861 CTTTCATTAATGCCATTATTCATAAAGGGTTTGATGAGCGACATGCATACATAGGAGGAA 2920

Qy       3385 TGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATG 3444
              ||||||| || || |||||||||||||||||||| || ||||||||| |||||||| ||||
Db       2921 TGTTTGGGGCCGGGATTTATTTTGCTGAAAACTCCTCAAAAAGCAACCAATATGTTTATG 2980

Qy       3445 GAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACA 3504
              ||||||||||||| || || || ||    ||||| ||||| || || || || || ||||
Db       2981 GAATTGGAGGAGGAACAGGCTGCCCTACACACAAGGACAGGTCATGCTATATATGTCACA 3040

Qy       3505 GGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGA 3564
              | ||  ||||||| ||  | || ||| | || || || || |||||||| ||  | ||||
Db       3041 GACAAATGCTCTTCTGTAGAGTGACCCTTGGGAAATCCTTTCTGCAGTTTAGCACCATGA 3100

Qy       3565 AAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCC 3624
              ||||||| ||  | |||||||| || |||||||||| |||||| || || || ||||| |
Db       3101 AAATGGCCCACGCGCCTCCAGGGCACCACTCAGTCATTGGTAGACCGAGCGTCAATGGGC 3160

Qy       3625 TAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTA 3684
              | ||||  ||||||||||| || ||||||||||||||||| || || |||||| ||   |
Db       3161 TGGCATATGCTGAATATGTCATCTACAGAGGAGAACAGGCATACCCAGAGTATCTTATCA 3220

Qy       3685 CTTACCAGATTATGAGGCCTGAAG 3708
              |||||||||| |||| ||| ||||
Db       3221 CTTACCAGATCATGAAGCCAGAAG 3244

RESULT 5
US-11-266-748A-251004
; Sequence 251004, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 251004
;   LENGTH: 675
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-251004

  Query Match             17.4%;  Score 663.8;  DB 8;  Length 675;
  Best Local Similarity   99.0%;  Pred. No. 1.3e-151;
  Matches  668;  Conservative    0;  Mismatches    7;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       2436 GTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGA 2495
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGA 60

Qy       2496 ACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAA 2555
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 ACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAA 120

Qy       2556 GGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCC 2615
              ||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCC 180

Qy       2616 ATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGC 2675
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGC 240

Qy       2676 CCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCA 2735
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 CCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCA 300

Qy       2736 GCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCA 2795
              |||| ||||||||||||||||||||||||| |||||| ||||||||||||||||||||||
Db        301 GCCACCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTGTTTCAAAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCA 360

Qy       2796 AGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGC 2855
              ||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||| |||||||||||||
Db        361 AGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGACAAAAAGGAGGTTCCAGCAGTAGATTTTAGC 420

Qy       2856 ATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAA 2915
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 ATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAA 480

Qy       2916 CAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATC 2975
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Db        481 CAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAAGAGATTGGAATC 540

Qy       2976 AATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAA 3035
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 AATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAA 600

Qy       3036 CAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGAT 3095
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGAT 660
```

```
Qy       3096 CTGTCTCCTGATGAT 3110
              |||||||||||||||
Db        661 CTGTCTCCTGATGAT 675


RESULT 6
US-11-266-748A-311521/c
; Sequence 311521, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 311521
;   LENGTH: 675
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-311521

  Query Match             17.4%;  Score 663.8;  DB 8;  Length 675;
  Best Local Similarity   99.0%;  Pred. No. 1.3e-151;
  Matches  668;  Conservative    0;  Mismatches    7;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       2436 GTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGA 2495
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        675 GTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGA 616

Qy       2496 ACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAA 2555
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        615 ACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAA 556

Qy       2556 GGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCC 2615
              ||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db        555 GGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCAGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGCAGCC 496

Qy       2616 ATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGC 2675
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        495 ATGCCCCCATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTGAGAAGC 436

Qy       2676 CCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCA 2735
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        435 CCAGGAGCCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCA 376

Qy       2736 GCCAGCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCA 2795
              |||| ||||||||||||||||||||||||| ||||| |||||||||||||||||||||||
Db        375 GCCACCAGTCTTGACAACTTATCTGGGAGTGTTTCAAAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCA 316

Qy       2796 AGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTAGC 2855
              ||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||| ||||||||||||
Db        315 AGTGGAACAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGACAAAAAGGAGGTTCCAGCAGTAGATTTAGC 256
```

```
Qy       2856 ATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAA 2915
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        255 ATAACTCAATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAA 196

Qy       2916 CAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATC 2975
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Db        195 CAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGAGCTGAAAGAGATTGGAATC 136

Qy       2976 AATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAA 3035
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        135 AATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAA 76

Qy       3036 CAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGAT 3095
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         75 CAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGAT 16

Qy       3096 CTGTCTCCTGATGAT 3110
              |||||||||||||||
Db         15 CTGTCTCCTGATGAT 1


RESULT 7
US-11-266-748A-99554
; Sequence 99554, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 99554
;   LENGTH: 594
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-99554

  Query Match             14.9%;  Score 570;  DB 8;  Length 594;
  Best Local Similarity   99.7%;  Pred. No. 8.9e-129;
  Matches  592;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    2;  Gaps    2;

Qy       3213 ATTCAGAAGGTTTGTAACAAG-AAACTATGGGAAAGATACACTCACCGG-AGAAAAGAAG 3270
              ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Db          1 ATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAAACTATGGGAAAGATACACTCACCGGAAGAAAAGAAG 60

Qy       3271 TTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTG 3330
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 TTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTG 120

Qy       3331 TGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTG 3390
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         121 TGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTG 180

Qy        3391 GAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTG 3450
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         181 GAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTG 240

Qy        3451 GAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGC 3510
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         241 GAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGC 300

Qy        3511 TGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGG 3570
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         301 TGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGG 360

Qy        3571 CACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCAT 3630
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         361 CACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCAT 420

Qy        3631 TAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACC 3690
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         421 TAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACC 480

Qy        3691 AGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCC 3750
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         481 AGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCC 540

Qy        3751 ACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCT 3804
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         541 ACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCT 594

RESULT 8
US-11-266-748A-152365/c
; Sequence 152365, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 152365
;   LENGTH: 594
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-152365

  Query Match             14.9%;  Score 570;  DB 8;  Length 594;
  Best Local Similarity   99.7%;  Pred. No. 8.9e-129;
  Matches  592;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    2;  Gaps    2;

Qy        3213 ATTCAGAAGGTTTGTAACAAG-AAACTATGGGAAAGATACTCACCGG-AGAAAAGAAG 3270
               ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Db         594 ATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAAACTATGGGAAAGATACTCACCGGAAGAAAAGAAG 535

Qy        3271 TTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGTCTCCTTTTG 3330
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         534 TTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGTCTCCTTTTG 475

Qy        3331 TGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTG 3390
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         474 TGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTG 415

Qy        3391 GAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTG 3450
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         414 GAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTG 355

Qy        3451 GAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGC 3510
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         354 GAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGC 295

Qy        3511 TGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGG 3570
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         294 TGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGG 235

Qy        3571 CACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCAT 3630
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         234 CACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCAT 175

Qy        3631 TAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACC 3690
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         174 TAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACC 115

Qy        3691 AGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCC 3750
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         114 AGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCC 55

Qy        3751 ACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCT 3804
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          54 ACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCT 1

RESULT 9
US-11-266-748A-189602
; Sequence 189602, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 189602
;   LENGTH: 929
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-189602

  Query Match             14.0%;  Score 535.6;  DB 8;  Length 929;
  Best Local Similarity   74.0%;  Pred. No. 2.8e-120;
  Matches  679;  Conservative    0;  Mismatches  239;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1707 CAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTT 1766
              | | |  | || ||  | || ||||||||  | |||||||| ||  |||| || |    |
Db         12 CGACTCTTAGAGGCATCTAAAGCTGGAGACTTGGAAACTGTGAAGCAACTTTGCAGCTCT 71

Qy       1767 CAGAGTGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCT 1826
              || | ||| || || |||||| | || || || || || || ||  | || || |||||
Db         72 CAAAATGTGAATTGTAGAGACTTAGAGGGCCGGCATTCCACGCCCTTACACTTCGCAGCA 131

Qy       1827 GGGTATAACAGAGTGTCCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCT 1886
              || || ||| | ||||| || || || || |||||||| || || || ||||| |||||
Db        132 GGCTACAACCGCGTGTCTGTTGTAGAGTACCTGCTACACCACGGTGCCGATGTCCATGCC 191

Qy       1887 AAAGATAAAGGAGGCCTTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTT 1946
              ||||| || || ||| | || ||  | || ||||| ||||| |||||||| ||||| ||
Db        192 AAAGACAAGGGTGGCTTGGTGCCCCTTCATAATGCCTGTTCATATGGACACTATGAGGTG 251

Qy       1947 GCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACA 2006
              || || ||| | || |  ||||| ||    || ||||| || || ||||||||||||||
Db        252 GCTGAGCTTTTAGTAAGGCATGGGGCTTCTGTCAATGTGGCGGACTTATGGAAATTTACC 311

Qy       2007 CCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCAT 2066
              ||| | |||||||||||||| |||||||| |||||||| ||||| || ||  |  | |||
Db        312 CCTCTCCATGAAGCAGCAGCTAAAGGAAAGTATGAAATCTGCAAGCTCCTTTTAAAACAT 371

Qy       2067 GGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGAT 2126
              || ||||| || || ||||| ||||| ||||||||||| ||||||||| | || || ||
Db        372 GGAGCAGATCCAACTAAAAAGAACAGAGATGGAAATACACCTTTGGATTTGGTAAAGGAA 431

Qy       2127 GGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAG 2186
              ||||| ||||||||||| ||  | || || || ||||| |||||| | ||||||||||||
Db        432 GGAGACACAGATATTCAGGACTTACTGAGAGGGGATGCTGCTTTGTTGGATGCTGCCAAG 491

Qy       2187 AAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGAT 2246
              ||||| ||  | || |||||| ||||| | | | | || || ||| | || ||| | ||
Db        492 AAGGGCTGCCTGGCAAGAGTGCAGAAGCTCTGTACCCCAGAGAATATCAACTGCAGAGAC 551

Qy       2247 ACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTAGAAGTT 2306
              ||||| |||||| ||||||| ||| | ||  | ||||| || ||||||||  | |||||
Db        552 ACCCAGGGCAGAAATTCAACCCCTCTGCACCTGGCAGCAGGCTATAATAACCTGGAAGTA 611

Qy       2307 GCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATT 2366
              || || ||| |  || | || ||||||||||| |||||||| ||||| || ||  | |||
Db        612 GCTGAATATCTTCTAGAGCATGGAGCTGATGTTAATGCCCAGGACAAGGGTGGTTTAATT 671

Qy       2367 CCTTTACATAATGCAGCATCTTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTAT 2426
              ||| | |||||||| |||||||| |||||||| ||  |||| ||| || | ||||| ||
Db        672 CCTCTTCATAATGCGGCATCTTATGGGCATGTTGACATAGCGGCTTTATTGATAAAATAC 731

Qy       2427 AATGCATGTGTCAATGCCACGGACAAATGGGCTTTCACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAA 2486
              ||  | ||||| ||||| || || || ||||| || || ||  | || ||||||||||||
Db        732 AACACGTGTGTAAATGCAACAGATAAGTGGGCGTTTACTCCCCTCCATGAAGCAGCCCAG 791

Qy       2487 AAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAA 2546
              || ||| | || ||||| || ||  |  | ||||| ||||| || ||||| ||  | ||
Db        792 AAAGGAAGGACGCAGCTGTGCGCCCTCCTCCTAGCGCATGGTGCAGACCCCACCATGAAG 851

Qy       2547 AATCAGGAAGGACAAACACCTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTG 2606
              || |||||||| || || ||| | ||| | |   |||| || ||| |||| ||| | |||
Db        852 AACCAGGAAGGCCAGACGCCTCTGGATCTGGCAACAGCTGACGATATCAGAGCTTTGCTG 911

Qy       2607 ACAGCAGCCATGCCCCCA 2624
              | ||  ||||||||||||
Db        912 ATAGATGCCATGCCCCCA 929
```

```
RESULT 10
US-11-266-748A-55144
; Sequence 55144, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 55144
;   LENGTH: 564
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-55144

  Query Match             14.0%;  Score 533.6;  DB 8;  Length 564;
  Best Local Similarity   99.3%;  Pred. No. 6.5e-120;
  Matches  536;  Conservative    0;  Mismatches    4;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       3274 CTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGA 3333
              |||||||||||||||||||||||| ||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CTGAAGAAAACCACAACCATGCCATTGAACTAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGA 60

Qy       3334 ATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAG 3393
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 ATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAG 120

Qy       3394 CTGGCATTTATTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAG 3453
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CTGGCATTTATTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAG 180

Qy       3454 GAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGC 3513
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGC 240

Qy       3514 TCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCAC 3573
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 TCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCAC 300

Qy       3574 ATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAG 3633
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAG 360

Qy       3634 CTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGA 3693
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 CTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGA 420

Qy       3694 TTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACT 3753
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db        421 TTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGCTATTTTAAGAAACTAATTCCACT 480
```

```
Qy       3754 GAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db        481 GAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGATTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 540


RESULT 11
US-11-266-748A-217436
; Sequence 217436, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 217436
;   LENGTH: 564
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-217436

  Query Match             14.0%;  Score 533.6;  DB 8;  Length 564;
  Best Local Similarity   99.3%;  Pred. No. 6.5e-120;
  Matches  536;  Conservative    0;  Mismatches    4;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       3274 CTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGA 3333
              |||||||||||||||||||||||| ||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CTGAAGAAAACCACAACCATGCCATTGAACTAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGA 60

Qy       3334 ATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAG 3393
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 ATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAG 120

Qy       3394 CTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAG 3453
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATATGTATATGGAATTGGAG 180

Qy       3454 GAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGC 3513
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTGC 240

Qy       3514 TCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCAC 3573
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 TCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGGCAC 300

Qy       3574 ATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAG 3633
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGTAAATGGCCTAGCATTAG 360

Qy       3634 CTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGA 3693
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 CTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTATTTAATTACTTACCAGA 420

Qy       3694 TTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAGAAACTAATTCCACT 3753
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db        421 TTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGCTATTTTAAGAAACTAATTCCACT 480

Qy       3754 GAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 3813
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db        481 GAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGATTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAA 540


RESULT 12
US-11-266-748A-165504/c
; Sequence 165504, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 165504
;   LENGTH: 668
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (220)..(228)
;   OTHER INFORMATION: n is a, c, g, or t
US-11-266-748A-165504

  Query Match             13.5%;  Score 515.6;  DB 8;  Length 668;
  Best Local Similarity   97.6%;  Pred. No. 1.7e-115;
  Matches  518;  Conservative    0;  Mismatches   13;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1663 TCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTG 1722
              |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        646 TCCTACAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTG 587

Qy       1723 CAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCA 1782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        586 CAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCA 527

Qy       1783 GAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGT 1842
              |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Db        526 GAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCCCTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGT 467

Qy       1843 CCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCC 1902
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        466 CCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCC 407

Qy       1903 TTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTA 1962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        406 TTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTA 347

Qy       1963 AACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAG 2022
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        346 AACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAG 287

Qy       2023 CAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCA 2082
              |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  
Db        286 CAGCCAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACNN 227

Qy       2083 AAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTC 2142
                     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        226 NNNNNNNCAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTC 167

Qy       2143 AAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTT 2193
              ||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        166 AAGATCTGCTTAGTGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTT 116


RESULT 13
US-11-266-748A-244089
; Sequence 244089, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 244089
;   LENGTH: 668
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (441)..(449)
;   OTHER INFORMATION: n is a, c, g, or t
US-11-266-748A-244089

  Query Match             13.5%;  Score 515.6;  DB 8;  Length 668;
  Best Local Similarity   97.6%;  Pred. No. 1.7e-115;
  Matches  518;  Conservative    0;  Mismatches   13;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1663 TCCTCCAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTG 1722
              |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         23 TCCTACAAGAGGGTATCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTG 82

Qy       1723 CAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCA 1782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         83 CAAAGGCTGGAGATGTCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAGTGTCAACTGCA 142

Qy       1783 GAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGT 1842
              |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Db        143 GAGACATTGAAGGGCGTCAGTCTACACCCCTTCATTTTGCAGCTGGGTATAACAGAGTGT 202

Qy       1843 CCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCC 1902
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        203 CCGTGGTGGAATATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCC 262

Qy       1903 TTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTA 1962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        263 TTGTACCTTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTA 322

Qy       1963 AACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAG 2022
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        323 AACATGGAGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAG 382

Qy       2023 CAGCAAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCA 2082
              |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  
Db        383 CAGCCAAAGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACNN 442

Qy       2083 AAAAAAACAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTC 2142
                     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        443 NNNNNNNCAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTC 502

Qy       2143 AAGATCTGCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTT 2193
              ||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        503 AAGATCTGCTTAGTGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTGCCAAGAAGGGTT 553


RESULT 14
US-11-266-748A-116071
; Sequence 116071, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 116071
;   LENGTH: 1000
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-116071

  Query Match             13.2%;  Score 503.2;  DB 8;  Length 1000;
  Best Local Similarity   76.2%;  Pred. No. 2.3e-112;
  Matches  619;  Conservative    0;  Mismatches  193;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       2897 GGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGA 2956
              |||||| ||||| | ||||||||| ||  | ||||| || | ||| ||||| ||  | ||
Db          3 GGATATCTTTGAAACAGAACAGATTACACTAGATGTGTTGGCTGATATGGGTCATGAAGA 62
```

```
Qy      2957 GCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGA 3016
             | |||| || || || |||||||| ||||| ||  | |||||| |||| |||||||| ||
Db        63 GTTGAAAGAAATAGGCATCAATGCATATGGGCACCGCCACAAATTAATCAAAGGAGTAGA 122

Qy      3017 GAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAG 3076
              |||||  |    |||||||||||    || || ||||| |||||  ||     |  |
Db       123 AAGACTCTTAGGTGGACAACAAGGCACCAATCCTTATTTGACTTTTCACTGTGTTAATCA 182

Qy      3077 TGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGA 3136
              ||||| ||| |  | |||||  |||| || |||||||| | |||||| ||||| |||||
Db       183 GGGAACGATTTTGCTGGATCTTGCTCCAGAAGATAAAGAATATCAGTCAGTGGAAGAAGA 242

Qy      3137 GATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAG 3196
             ||||||||||||  ||||||| ||||||||||| ||| |||| || || |||||||||||
Db       243 GATGCAAAGTACTATTCGAGAACACAGAGATGGTGGTAATGCTGGCGGCATCTTCAACAG 302

Qy      3197 ATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCA 3256
             ||||||| |  |    ||||| || |||   ||||||||  |  ||||  | | |   ||
Db       303 ATACAATGTCATTCGAATTCAAAAAGTTGTCAACAAGAAGTTGAGGGAGCGGTTCTGCCA 362

Qy      3257 CCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCA 3316
             |||    || ||||| ||||| || || |||||||||  |||||| || ||| | |||||
Db       363 CCGACAGAAGGAAGTGTCTGAGGAGAATCACAACCATCACAATGAGCGCATGTTGTTTCA 422

Qy      3317 TGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACAT 3376
             ||| ||||||||  | ||||| ||||| || ||||| ||||||||  | ||||| |||||
Db       423 TGGTTCTCCTTTCATTAATGCCATTATTCATAAAGGGTTTGATGAGCGACATGCATACAT 482

Qy      3377 AGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATA 3436
             ||| || |||||||| || || |||||||||||||||||||| || |||||||| |||||
Db       483 AGGAGGAATGTTTGGGGCCGGGATTTATTTTGCTGAAAACTCCTCAAAAAGCAACCAATA 542

Qy      3437 TGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACAT 3496
             ||| ||||||||||||||||| || || || ||    ||||| ||||| || || || ||
Db       543 TGTTTATGGAATTGGAGGAGGAACAGGCTGCCCTACACACAAGGACAGGTCATGCTATAT 602

Qy      3497 TTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAG 3556
              || ||||| ||  ||||||| ||  | || ||| | || || || || |||||||| ||
Db       603 ATGTCACAGACAAATGCTCTTCTGTAGAGTGACCCTTGGGAAATCCTTTCTGCAGTTTAG 662

Qy      3557 TGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGT 3616
               | ||||||||||| ||  | |||||||| || |||||||||| |||||| || || ||
Db       663 CACCATGAAAATGGCCCACGCGCCTCCAGGGCACCACTCAGTCATTGGTAGACCGAGCGT 722

Qy      3617 AAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTA 3676
              ||||| || ||||  ||||||||||| || ||||||||||||||||| || || |||||
Db       723 CAATGGGCTGGCATATGCTGAATATGTCATCTACAGAGGAGAACAGGCATACCCAGAGTA 782

Qy      3677 TTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAG 3708
             | | || ||||||||||| |||| ||| ||||
Db       783 TCTTATCACTTACCAGATCATGAAGCCAGAAG 814


RESULT 15
US-11-266-748A-158235/c
; Sequence 158235, Application US/11266748A
; Publication No. US20060134663A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Harkin, Paul
;  APPLICANT:  Johnston, Patrick
;  APPLICANT:  Mulligan, Karl
;  TITLE OF INVENTION: Transcriptome Microarray Technology and
;  TITLE OF INVENTION:  Methods of Using the Same
;  FILE REFERENCE: 55815-0102 (319189)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/266,748A
;  CURRENT FILING DATE:  2005-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105479.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105482.6
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105483.4
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105507.0
```

```
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105485.9
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: EP 04105484.2
;  PRIOR FILING DATE: 2004-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/662,276
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/700,293
;  PRIOR FILING DATE: 2005-07-18
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 483996
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 158235
;   LENGTH: 1000
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapiens
US-11-266-748A-158235

  Query Match             13.2%;  Score 503.2;  DB 8;  Length 1000;
  Best Local Similarity   76.2%;  Pred. No. 2.3e-112;
  Matches  619;  Conservative    0;  Mismatches  193;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy      2897 GGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGGATGTATTAGTTGAGATGGGGCACAAGGA 2956
             |||||| ||||| | ||||||||| ||  | ||||| || | ||| ||||| ||  | ||
Db       998 GGATATCTTTGAAACAGAACAGATTACACTAGATGTGTTGGCTGATATGGGTCATGAAGA 939

Qy      2957 GCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGGACATAGGCACAAACTAATTAAAGGAGTCGA 3016
             | |||| || || || |||||||| ||||| ||  | |||||| |||| |||||||| ||
Db       938 GTTGAAAGAAATAGGCATCAATGCATATGGGCACCGCCACAAATTAATCAAAGGAGTAGA 879

Qy      3017 GAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCTTAACCCATATTTAACTTTGAACACCTCTGGTAG 3076
              |||||  |    |||||||||||    || || ||||| |||||  ||     |  |
Db       878 AAGACTCTTAGGTGGACAACAAGGCACCAATCCTTATTTGACTTTTCACTGTGTTAATCA 819

Qy      3077 TGGAACAATTCTTATAGATCTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGA 3136
              ||||| ||| |  | |||||  |||| || |||||||| | |||||| ||||| |||||
Db       818 GGGAACGATTTTGCTGGATCTTGCTCCAGAAGATAAAGAATATCAGTCAGTGGAAGAAGA 759

Qy      3137 GATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAG 3196
             ||||||||||||  ||||||| ||||||||||| ||| |||| || || |||||||||||
Db       758 GATGCAAAGTACTATTCGAGAACACAGAGATGGTGGTAATGCTGGCGGCATCTTCAACAG 699

Qy      3197 ATACAATATTCTCAAGATTCAGAAGGTTTGTAACAAGAAACTATGGGAAAGATACACTCA 3256
             ||||||| |  |    ||||| || |||   ||||||||  |  ||||  | | |   ||
Db       698 ATACAATGTCATTCGAATTCAAAAAGTTGTCAACAAGAAGTTGAGGGAGCGGTTCTGCCA 639

Qy      3257 CCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAAGAAAACCACAACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCA 3316
             |||    || ||||| ||||| || || |||||||||  |||||| || ||| | |||||
Db       638 CCGACAGAAGGAAGTGTCTGAGGAGAATCACAACCATCACAATGAGCGCATGTTGTTTCA 579

Qy      3317 TGGGTCTCCTTTTGTGAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACAT 3376
             ||| ||||||||  | ||||| ||||| || ||||| ||||||||  | ||||| |||||
Db       578 TGGTTCTCCTTTCATTAATGCCATTATTCATAAAGGGTTTGATGAGCGACATGCATACAT 519

Qy      3377 AGGTGGTATGTTTGGAGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAGCAATCAATA 3436
             ||| || |||||||| || || |||||||||||||||||||| || |||||||| |||||
Db       518 AGGAGGAATGTTTGGGGCCGGGATTTATTTTGCTGAAAACTCCTCAAAAAGCAACCAATA 459

Qy      3437 TGTATATGGAATTGGAGGAGGTACTGGGTGTCCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACAT 3496
             ||| ||||||||||||||||| || || || ||    ||||| ||||| || || || ||
Db       458 TGTTTATGGAATTGGAGGAGGAACAGGCTGCCCTACACACAAGGACAGGTCATGCTATAT 399

Qy      3497 TTGCCACAGGCAGCTGCTCTTTTGCCGGGTAACCTTGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAG 3556
              || ||||| ||  ||||||| ||  | || ||| | || || || || |||||||| ||
Db       398 ATGTCACAGACAAATGCTCTTCTGTAGAGTGACCCTTGGGAAATCCTTTCTGCAGTTTAG 339

Qy      3557 TGCAATGAAAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCCCAGTGT 3616
               | ||||||||||| ||  | |||||||| || |||||||||| |||||| || || ||
Db       338 CACCATGAAAATGGCCCACGCGCCTCCAGGGCACCACTCAGTCATTGGTAGACCGAGCGT 279

Qy      3617 AAATGGCCTAGCATTAGCTGAATATGTTATTTACAGAGGAGAACAGGCTTATCCTGAGTA 3676
              ||||| || ||||  ||||||||||| || ||||||||||||||||| || || |||||
Db       278 CAATGGGCTGGCATATGCTGAATATGTCATCTACAGAGGAGAACAGGCATACCCAGAGTA 219
```

```
Qy       3677 TTTAATTACTTACCAGATTATGAGGCCTGAAG 3708
              | | || ||||||||||| |||| ||| ||||
Db        218 TCTTATCACTTACCAGATCATGAAGCCAGAAG 187

Search completed: December 18, 2006, 19:31:42
Job time : 762.887 secs
```

```
                    GenCore version 5.1.9
         Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.


OM protein - protein search, using sw model

Run on:         December 18, 2006, 17:21:00 ; Search time 139.536 Seconds
                                             (without alignments)
                                             3489.682 Million cell updates/sec

Title:          US-10-616-101-3
Perfect score:  5585
Sequence:       1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQA..........AMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065

Scoring table:  BLOSUM62
                Gapop 10.0 , Gapext 0.5

Searched:       2589679 seqs, 457216429 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      2589679

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       A_Geneseq_8:*
                1:  geneseqp1980s:*
                2:  geneseqp1990s:*
                3:  geneseqp2000s:*
                4:  geneseqp2001s:*
                5:  geneseqp2002s:*
                6:  geneseqp2003as:*
                7:  geneseqp2003bs:*
                8:  geneseqp2004s:*
                9:  geneseqp2005s:*
                10:  geneseqp2006s:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                                 SUMMARIES
                %
Result          Query
  No.   Score   Match Length DB  ID                    Description
 -------------------------------------------------------------------------
    1    5585  100.0    1065  9  ADY97761              Ady97761 Human tan
    2    5585  100.0    1083  9  ADY97770              Ady97770 Human tan
    3    5585  100.0    1084  6  ABG73736              Abg73736 Tankyrase
    4    5585  100.0    1100  4  AAY97748              Aay97748 Tankyrase
    5    5585  100.0    1100  6  ABG73732              Abg73732 Tankyrase
    6    5585  100.0    1100  6  ABG73730              Abg73730 Tankyrase
    7    5585  100.0    1100  7  ADH69405              Adh69405 Human tan
    8    5585  100.0    1100  9  ADY97766              Ady97766 Human tan
    9    5582   99.9    1166  4  AAB66295              Aab66295 Human tan
   10    5582   99.9    1166  5  ABP69457              Abp69457 Human pol
   11    5582   99.9    1166  8  ADR14792              Adr14792 Amino aci
   12    5582   99.9    1169  4  AAB66288              Aab66288 Human tan
   13    5582   99.9    1169  4  AAB66278              Aab66278 Human tan
   14    5582   99.9    1240  4  AAY97749              Aay97749 Tankyrase
   15    5582   99.9    1240  6  ABG73731              Abg73731 Tankyrase
   16    5582   99.9    1240  7  ADH69406              Adh69406 Human tan
   17    5582   99.9    1240  9  ADY97762              Ady97762 Human tan
   18    5582   99.9    1262  4  AAB66290              Aab66290 Human tan
   19    5582   99.9    1287  8  ADR66429              Adr66429 Human pro
   20    5582   99.9    1287  8  ADR66087              Adr66087 Human pro
   21    5582   99.9    1385  4  AAB66294              Aab66294 Human tan
   22    5579   99.9    1100  6  ABG73735              Abg73735 Tankyrase
   23    5579   99.9    1100  9  ADY97769              Ady97769 Human tan
   24    5566   99.7    1166  3  AAB27211              Aab27211 Human tan
   25    5533   99.1    1166  4  AAY72589              Aay72589 Human tan
   26    5421   97.1    1074  2  AAY05734              Aay05734 Human Grb
   27    5017   89.8    1166  4  AAB47022              Aab47022 Human SPA
   28    4974   89.1    1083  6  AAE35352              Aae35352 Human col
   29  4748.5   85.0    1333  3  AAB27209              Aab27209 Human tan
   30  4740.5   84.9    1327  3  AAY44402              Aay44402 Human tan
   31  4740.5   84.9    1327  3  AAB27212              Aab27212 Human tan
   32  4740.5   84.9    1327  4  AAB66279              Aab66279 Human tan
   33  4740.5   84.9    1327  5  AAU79537              Aau79537 Human tan
   34  4740.5   84.9    1327  8  ADR14791              Adr14791 Amino aci
   35    4675   83.7    1431  3  AAB27210              Aab27210 Human tan
   36  4523.5   81.0     991  4  AAB47023              Aab47023 Mouse SPA
   37  4440.5   79.5     907  4  AAB48574              Aab48574 Human bre
   38    3918   70.2     784  4  AAB66285              Aab66285 Human tan
   39    3775   67.6     756  4  AAB66286              Aab66286 Human tan
   40  3706.5   66.4    1181  4  ABB60894              Abb60894 Drosophil
   41  3706.5   66.4    1181  4  AAB66297              Aab66297 Drosophil
   42    3412   61.1     802  5  AAO20512              Aao20512 Protein o
   43    3093   55.4     949  3  AAY44404              Aay44404 Human tru
   44    3093   55.4     949  5  AAU79539              Aau79539 Truncated
   45    2916   52.2     583  9  ADY97768              Ady97768 Human tan


                              ALIGNMENTS


RESULT 1
ADY97761
ID   ADY97761 standard; protein; 1065 AA.
XX
AC   ADY97761;
XX
DT   16-JUN-2005  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase homologue isotype 1 protein SEQ ID NO:3.
XX
KW   cell cycle; cancer; cytostatic; tankyrase homologue isotype 1.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   US2005074825-A1.
XX
PD   07-APR-2005.
XX
PF   08-JUL-2003; 2003US-00616101.
XX
PR   25-OCT-1999;   99US-00427154.
PR   25-OCT-2000; 2000US-00696668.
PR   25-APR-2001; 2001US-00843159.
XX
PA   (LUOY/) LUO Y.
PA   (CHAN/) CHAN E.
PA   (XUXX/) XU X.
PA   (HUAN/) HUANG B.
PA   (OSSO/) OSSOVSKAYA V.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B,  Ossovskaya V;
XX
DR   WPI; 2005-294737/30.
DR   N-PSDB; ADY97759.
XX
PT   Novel recombinant polypeptide such as cell cycle protein e.g. tankyrase
PT   homolog, useful for screening its modulator.
XX
PS   Claim 21; SEQ ID NO 3; 75pp; English.
XX
CC   The invention relates to a recombinant polypeptide (I) such as cell cycle
CC   protein e.g. tankyrase homologue (TaHo), comprising an amino acid
CC   sequence having 85% or more sequence identity to the 1065 amino acid
CC   sequence of ADY97761 or the 1240 amino acid sequence of ADY97762. Also
CC   described: (1) diagnosing cancer, which involves determining the activity
CC   of (I) from a test sample of an individual and comparing the level with a
CC   control with a control; (2) treating (M1) an individual with a cell cycle
CC   related disorder, which involves administering to the individual an
CC   inhibitor of TaHo; (3) a recombinant nucleic acid (II) encoding (I),
CC   comprising a nucleic acid that hybridizes under high stringent conditions
CC   to a sequence complementary to the 3797 base pair sequence of ADY97759 or
CC   the 3816 base pair sequence of ADY97760, or a nucleic acid having 85% or
CC   more sequence identity to ADY97759 or ADY97760; (4) an expression vector
CC   (III) comprising (II) operably linked to regulatory sequences recognized
CC   by a host cell (IV) transformed with the nucleic acid; (5) a host cell
CC   comprising (II) or (III); (6) producing (I); (7) a polypeptide that
CC   specifically binds to (I); and (8) inhibiting (M2) growth of a tumor
CC   cell, involves contacting the tumor with a bioactive agent capable of
CC   inhibiting TaHo activity. (I) is useful for screening a bioactive agent
CC   capable of modulating (I), or screening for agents capable of interfering
CC   with the binding of (I) and P21. (M1) is useful for treating an
CC   individual with a cell cycle related disorder. (M2) is useful for
CC   inhibiting growth of a tumor cell by a bioactive agent e.g. antisense
CC   oligonucleotide. The present sequence represents the human tankyrase
CC   homologue isotype 1.
XX
SQ   Sequence 1065 AA;

  Query Match             100.0%;  Score 5585;  DB 9;  Length 1065;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1065;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065


RESULT 2
ADY97770
ID   ADY97770 standard; protein; 1083 AA.
XX
AC   ADY97770;
XX
DT   16-JUN-2005  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase homologue isotype 1 mutant protein SEQ ID NO:12.
XX
KW   cell cycle; cancer; cytostatic; tankyrase homologue isotype 1; mutein.
XX
OS   Homo sapiens.
OS   Synthetic.
XX
PN   US2005074825-A1.
XX
PD   07-APR-2005.
XX
PF   08-JUL-2003; 2003US-00616101.
XX
PR   25-OCT-1999;   99US-00427154.
PR   25-OCT-2000; 2000US-00696668.
PR   25-APR-2001; 2001US-00843159.
XX
PA   (LUOY/) LUO Y.
PA   (CHAN/) CHAN E.
PA   (XUXX/) XU X.
PA   (HUAN/) HUANG B.
PA   (OSSO/) OSSOVSKAYA V.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B,  Ossovskaya V;
XX
DR   WPI; 2005-294737/30.
XX
PT   Novel recombinant polypeptide such as cell cycle protein e.g. tankyrase
PT   homolog, useful for screening its modulator.
XX
PS   Disclosure; SEQ ID NO 12; 75pp; English.
XX
CC   The invention relates to a recombinant polypeptide (I) such as cell cycle
CC   protein e.g. tankyrase homologue (TaHo), comprising an amino acid
CC   sequence having 85% or more sequence identity to the 1065 amino acid
CC   sequence of ADY97761 or the 1240 amino acid sequence of ADY97762. Also
CC   described: (1) diagnosing cancer, which involves determining the activity
CC   of (I) from a test sample of an individual and comparing the level with a
CC   control with a control; (2) treating (M1) an individual with a cell cycle
CC   related disorder, which involves administering to the individual an
CC   inhibitor of TaHo; (3) a recombinant nucleic acid (II) encoding (I),
CC   comprising a nucleic acid that hybridizes under high stringent conditions
CC   to a sequence complementary to the 3797 base pair sequence of ADY97759 or
CC   the 3816 base pair sequence of ADY97760, or a nucleic acid having 85% or
CC   more sequence identity to ADY97759 or ADY97760; (4) an expression vector
CC   (III) comprising (II) operably linked to regulatory sequences recognized
CC   by a host cell (IV) transformed with the nucleic acid; (5) a host cell
CC   comprising (II) or (III); (6) producing (I); (7) a polypeptide that
CC   specifically binds to (I); and (8) inhibiting (M2) growth of a tumor
CC   cell, involves contacting the tumor with a bioactive agent capable of
CC   inhibiting TaHo activity. (I) is useful for screening a bioactive agent
CC   capable of modulating (I), or screening for agents capable of interfering
CC   with the binding of (I) and P21. (M1) is useful for treating an
CC   individual with a cell cycle related disorder. (M2) is useful for
CC   inhibiting growth of a tumor cell by a bioactive agent e.g. antisense
CC   oligonucleotide. The present sequence represents a human tankyrase
CC   homologue isotype 1 mutant protein.
XX
SQ   Sequence 1083 AA;

  Query Match             100.0%;  Score 5585;  DB 9;  Length 1083;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1065;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065


RESULT 3
ABG73736
ID   ABG73736 standard; protein; 1084 AA.
XX
AC   ABG73736;
XX
DT   08-APR-2003  (first entry)
XX
DE   Tankyrase H isotype 1 TH-1 variant Taho E/A dC.
XX
KW   Tankyrase; tankyrase H; cell cycle protein; growth inhibitor; TH-1; TaHo;
KW   cytostatic; immunostimulant; gene therapy; vaccine; cancer; tumour;
KW   cell cycle related disorder; poly ADP-ribose polymerase; PARP.
XX
OS   Synthetic.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   Region          1. .22
FT                   /label= Ankyrin_repeat_1
FT   Region          24. .55
FT                   /label= Ankyrin_repeat_2
FT   Region          57. .87
FT                   /label= Ankyrin_repeat_3
FT   Region          89. .113
FT                   /label= Ankyrin_repeat_4
FT   Region          115. .139
FT                   /label= Ankyrin_repeat_5
FT   Misc-difference 127
FT                   /note= "TH1 start"
FT   Region          147. .176
FT                   /label= Ankyrin_repeat_6
FT   Region          178. .208
FT                   /label= Ankyrin_repeat_7
FT   Region          210. .241
FT                   /label= Ankyrin_repeat_8
FT   Region          243. .281
FT                   /label= Ankyrin_repeat_9
FT   Region          283. .332
FT                   /label= Ankyrin_repeat_10
FT   Region          334. .365
FT                   /label= Ankyrin_repeat_11
FT   Region          367. .398
FT                   /label= Ankyrin_repeat_12
FT   Region          400. .424
FT                   /label= Ankyrin_repeat_13
FT   Region          426. .458
FT                   /label= Ankyrin_repeat_14
FT   Region          460. .491
FT                   /label= Ankyrin_repeat_15
FT   Region          493. .524
FT                   /label= Ankyrin_repeat_16
FT   Region          526. .557
FT                   /label= Ankyrin_repeat_17
FT   Region          559. .594
FT                   /label= Ankyrin_repeat_18
FT   Region          596. .644
FT                   /label= Ankyrin_repeat_19
FT   Region          646. .677
FT                   /label= Ankyrin_repeat_20
FT   Region          679. .710
FT                   /label= Ankyrin_repeat_21
FT   Region          712. .755
FT                   /label= Ankyrin_repeat_22
FT   Region          757. .793
FT                   /label= Ankyrin_repeat_23
FT   Domain          797. .845
FT                   /label= SAM_domain
FT   Region          855. .869
FT                   /note= "Unidentified region"
FT   Domain          956. .1084
FT                   /label= PARP_domain
FT   Misc-difference 1072
FT                   /note= "This residue is mutated from Glu (wild type, see
FT                   ABG73732) to Ala"
XX
PN   WO200286170-A1.
XX
PD   31-OCT-2002.
XX
PF   25-APR-2002; 2002WO-US013185.
XX
PR   25-APR-2001; 2001US-00843159.
XX
PA   (RIGE-) RIGEL PHARM INC.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B,  Ossovskaya V;
XX
DR   WPI; 2003-093158/08.
XX
PT   New recombinant nucleic acid encoding a cell cycle protein, useful for
PT   diagnosing and treating a cell cycle related disorder, e.g. cancer.
XX
PS   Disclosure; Fig 16A-C; 90pp; English.
XX
CC   This invention describes a novel recombinant nucleic acid encoding the
CC   cell cycle protein TaHo, a tankyrase H isoform. The products of the
CC   invention have cytostatic and immunostimulant activity and can be used
CC   for gene therapy and in vaccines. The cell cycle protein TaHo and the
CC   nucleic acid encoding the protein are useful for diagnosing and treating
CC   a cell cycle related disorder, e.g. cancer, or for inhibiting growth of a
CC   tumour cell. The methods are useful for screening for a bioactive agent
CC   capable of binding to a cell cycle protein tankyrase H, or a bioactive
CC   agent capable of modulating a cell cycle protein tankyrase H or PARP
CC   (poly ADP-ribose polymerase) activity. The antibodies are useful for
CC   inducing an immune response against the cell cycle proteins. This
CC   sequence represents the tankyrase H isoform 1, Taho E/A dC, which
CC   contains a Glu to Ala mutation and has a truncated C-terminal containing
CC   a 2 amino acid insertion described in the disclosure of the invention
XX
SQ   Sequence 1084 AA;

  Query Match             100.0%;  Score 5585;  DB 6;  Length 1084;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1065;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065

RESULT 4
AAY97748
ID   AAY97748 standard; protein; 1100 AA.
XX
AC   AAY97748;
XX
```

```
DT   06-AUG-2001  (first entry)
XX
DE   Tankyrase homologue isotype 1 protein sequence.
XX
KW   Tankyrase homologue isotype 1; TaHo-1; TaHo-2; cell proliferation;
KW   cell cycle protein; cell cycle associated disorder; cancer; gene mapping;
KW   chromosome mapping; gene therapy; vaccine.
XX
OS   Unidentified.
XX
PN   WO200130987-A2.
XX
PD   03-MAY-2001.
XX
PF   25-OCT-2000; 2000WO-US041528.
XX
PR   25-OCT-1999;   99US-00427154.
XX
PA   (RIGE-) RIGEL PHARM INC.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B;
XX
DR   WPI; 2001-300503/31.
DR   N-PSDB; AAA91487.
XX
PT   Novel recombinant cell cycle polypeptide, tankyrase H useful for inducing
PT   or preventing cell proliferation in cells, and for diagnosing, treating
PT   or preventing cell cycle associated disorders such as cancer.
XX
PS   Claim 22; Fig 3; 63pp; English.
XX
CC   This sequence is the Tankyrase homologue isotype 1 (TaHo-1) protein of
CC   the invention. The invention also relates to the TaHo-2 protein. The TaHo
CC   proteins are useful for inducing or preventing cell proliferation in
CC   cells, and in the study or treatment of conditions mediated by the cell
CC   cycle proteins, such as to diagnose, treat or prevent cell cycle
CC   associated disorders, preferably cancer. The TaHo coding sequences are
CC   useful as hybridisation probes, in chromosome and gene mapping and in the
CC   generation of anti-sense DNA and RNA. The coding sequences are also
CC   useful for the preparation of TaHo, for generating either transgenic
CC   animals or knock out animals which, in turn, are useful in a development
CC   and screening of therapeutically useful agents, in gene therapy, as
CC   vaccine, and for construction of hybridisation probes for mapping the
CC   gene which encodes TaHo and for the genetic analysis of individuals with
CC   genetic disorders. The TaHo proteins, and their coding sequences are
CC   useful in screening assays
XX
SQ   Sequence 1100 AA;

  Query Match             100.0%;  Score 5585;  DB 4;  Length 1100;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1065;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
```

```
Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065

RESULT 5
ABG73732
ID   ABG73732 standard; protein; 1100 AA.
XX
AC   ABG73732;
XX
DT   08-APR-2003  (first entry)
XX
DE   Tankyrase H isotype 1 TH-1.
XX
KW   Tankyrase; tankyrase H; cell cycle protein; growth inhibitor; TH-1; TaHo;
KW   cytostatic; immunostimulant; gene therapy; vaccine; cancer; tumour;
KW   cell cycle related disorder; poly ADP-ribose polymerase; PARP.
XX
OS   Unidentified.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   Region          1. .22
FT                   /label= Ankyrin_repeat_1
FT   Region          24. .55
FT                   /label= Ankyrin_repeat_2
FT   Region          57. .87
FT                   /label= Ankyrin_repeat_3
FT   Region          89. .113
FT                   /label= Ankyrin_repeat_4
FT   Region          115. .139
FT                   /label= Ankyrin_repeat_5
FT   Misc-difference 127
FT                   /note= "TH1 start"
FT   Region          147. .176
FT                   /label= Ankyrin_repeat_6
FT   Region          178. .208
FT                   /label= Ankyrin_repeat_7
FT   Region          210. .241
FT                   /label= Ankyrin_repeat_8
FT   Region          243. .281
FT                   /label= Ankyrin_repeat_9
FT   Region          283. .332
FT                   /label= Ankyrin_repeat_10
FT   Region          334. .365
FT                   /label= Ankyrin_repeat_11
FT   Region          367. .398
FT                   /label= Ankyrin_repeat_12
FT   Region          400. .424
FT                   /label= Ankyrin_repeat_13
FT   Region          426. .458
FT                   /label= Ankyrin_repeat_14
FT   Region          460. .491
FT                   /label= Ankyrin_repeat_15
FT   Region          493. .524
FT                   /label= Ankyrin_repeat_16
FT   Region          526. .557
FT                   /label= Ankyrin_repeat_17
FT   Region          559. .594
FT                   /label= Ankyrin_repeat_18
FT   Region          596. .644
FT                   /label= Ankyrin_repeat_19
FT   Region          646. .677
FT                   /label= Ankyrin_repeat_20
FT   Region          679. .710
FT                   /label= Ankyrin_repeat_21
FT   Region          712. .755
FT                   /label= Ankyrin_repeat_22
FT   Region          757. .793
FT                   /label= Ankyrin_repeat_23
FT   Domain          797. .845
FT                   /label= SAM_domain
FT   Region          855. .869
FT                   /note= "Unidentified region"
FT   Domain          956. .1094
FT                   /label= PARP_domain
XX
PN   WO200286170-A1.
XX
PD   31-OCT-2002.
XX
PF   25-APR-2002; 2002WO-US013185.
XX
PR   25-APR-2001; 2001US-00843159.
XX
PA   (RIGE-) RIGEL PHARM INC.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B,  Ossovskaya V;
XX
DR   WPI; 2003-093158/08.
XX
PT   New recombinant nucleic acid encoding a cell cycle protein, useful for
PT   diagnosing and treating a cell cycle related disorder, e.g. cancer.
XX
PS   Disclosure; Fig 16A-C; 90pp; English.
XX
CC   This invention describes a novel recombinant nucleic acid encoding the
CC   cell cycle protein TaHo, a tankyrase H isoform. The products of the
CC   invention have cytostatic and immunostimulant activity and can be used
CC   for gene therapy and in vaccines. The cell cycle protein TaHo and the
CC   nucleic acid encoding the protein are useful for diagnosing and treating
CC   a cell cycle related disorder, e.g. cancer, or for inhibiting growth of a
CC   tumour cell. The methods are useful for screening for a bioactive agent
CC   capable of binding to a cell cycle protein tankyrase H, or a bioactive
CC   agent capable of modulating a cell cycle protein tankyrase H or PARP
CC   (poly ADP-ribose polymerase) activity. The antibodies are useful for
CC   inducing an immune response against the cell cycle proteins. This
CC   sequence represents tankyrase H isoform 1, TH-1, described in the
CC   disclosure of the invention
XX
SQ   Sequence 1100 AA;

  Query Match             100.0%;  Score 5585;  DB 6;  Length 1100;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1065;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
```

```
Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065


RESULT 6
ABG73730
ID   ABG73730 standard; protein; 1100 AA.
XX
AC   ABG73730;
XX
DT   08-APR-2003  (first entry)
XX
DE   Tankyrase H isotype 1 TaHo-1 from clone TH-1.
XX
KW   Tankyrase; tankyrase H; cell cycle protein; growth inhibitor; TaHo-1;
KW   TaHo; cytostatic; immunostimulant; gene therapy; vaccine; cancer; tumour;
KW   cell cycle related disorder; poly ADP-ribose polymerase; PARP.
XX
OS   Unidentified.
XX
PN   WO200286170-A1.
XX
PD   31-OCT-2002.
XX
PF   25-APR-2002; 2002WO-US013185.
XX
PR   25-APR-2001; 2001US-00843159.
XX
PA   (RIGE-) RIGEL PHARM INC.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B,  Ossovskaya V;
XX
DR   WPI; 2003-093158/08.
DR   N-PSDB; ABQ77066.
XX
PT   New recombinant nucleic acid encoding a cell cycle protein, useful for
PT   diagnosing and treating a cell cycle related disorder, e.g. cancer.
XX
PS   Claim 14; Fig 3; 90pp; English.
XX
CC   This invention describes a novel recombinant nucleic acid encoding the
CC   cell cycle protein TaHo, a tankyrase H isoform. The products of the
CC   invention have cytostatic and immunostimulant activity and can be used
CC   for gene therapy and in vaccines. The cell cycle protein TaHo and the
CC   nucleic acid encoding the protein are useful for diagnosing and treating
CC   a cell cycle related disorder, e.g. cancer, or for inhibiting growth of a
CC   tumour cell. The methods are useful for screening for a bioactive agent
CC   capable of binding to a cell cycle protein tankyrase H, or a bioactive
CC   agent capable of modulating a cell cycle protein tankyrase H or PARP
CC   (poly ADP-ribose polymerase) activity. The antibodies are useful for
CC   inducing an immune response against the cell cycle proteins. This
CC   sequence represents the tankyrase H isoform 1, TaHo-1, isolated from
CC   clone TH-1 which is described in the disclosure of the invention
XX
SQ   Sequence 1100 AA;

  Query Match             100.0%;  Score 5585;  DB 6;  Length 1100;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1065;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
```

```
RESULT 7
ADH69405
ID   ADH69405 standard; protein; 1100 AA.
XX
AC   ADH69405;
XX
DT   25-MAR-2004  (first entry)
XX
DE   Human  tankyrase homologue isotype 1 (TaHo-1).
XX
KW   Tankyrase H cell cycle protein; p21; gene therapy;
KW   bioactive agent screening; cancer; cytostatic; human.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   US6617102-B1.
XX
PD   09-SEP-2003.
XX
PF   25-OCT-2000; 2000US-00696668.
XX
PR   25-OCT-1999;   99US-00427154.
XX
PA   (RIGE-) RIGEL PHARM INC.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B,  Ossovskaya V;
XX
DR   WPI; 2003-895391/82.
DR   N-PSDB; ADH69414.
XX
PT   Screening for a bioactive agent capable of interfering with the binding
PT   of a tankyrase H cell cycle protein and p21 for diagnosing or treating
PT   cancer by combining a tankyrase H cell cycle protein, a candidate
PT   bioactive agent and p21.
XX
PS   Claim 1; SEQ ID NO 3; 39pp; English.
XX
CC   The invention relates to a method for screening a bioactive agent capable
CC   of interfering with the binding of a tankyrase H cell cycle protein and
CC   p21. The invention is useful in gene therapy. The method is useful for
CC   screening for a bioactive agent capable of interfering with the binding
CC   of a tankyrase H cell cycle protein and p21 for preparing a composition
CC   for diagnosing or treating cancer. The present sequence is human
CC   tankyrase homologue isotype 1 (TaHo-1).
XX
SQ   Sequence 1100 AA;

  Query Match             100.0%;  Score 5585;  DB 7;  Length 1100;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1065;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065


RESULT 8
ADY97766
ID   ADY97766 standard; protein; 1100 AA.
XX
AC   ADY97766;
XX
DT   16-JUN-2005  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase homologue isotype 1 protein SEQ ID NO:8.
XX
KW   cell cycle; cancer; cytostatic; tankyrase homologue isotype 1.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   US2005074825-A1.
XX
PD   07-APR-2005.
XX
PF   08-JUL-2003; 2003US-00616101.
XX
PR   25-OCT-1999;   99US-00427154.
PR   25-OCT-2000; 2000US-00696668.
PR   25-APR-2001; 2001US-00843159.
XX
PA   (LUOY/) LUO Y.
PA   (CHAN/) CHAN E.
PA   (XUXX/) XU X.
PA   (HUAN/) HUANG B.
PA   (OSSO/) OSSOVSKAYA V.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B,  Ossovskaya V;
XX
DR   WPI; 2005-294737/30.
XX
PT   Novel recombinant polypeptide such as cell cycle protein e.g. tankyrase
PT   homolog, useful for screening its modulator.
XX
PS   Disclosure; SEQ ID NO 8; 75pp; English.
XX
CC   The invention relates to a recombinant polypeptide (I) such as cell cycle
CC   protein e.g. tankyrase homologue (TaHo), comprising an amino acid
CC   sequence having 85% or more sequence identity to the 1065 amino acid
CC   sequence of ADY97761 or the 1240 amino acid sequence of ADY97762. Also
CC   described: (1) diagnosing cancer, which involves determining the activity
CC   of (I) from a test sample of an individual and comparing the level with a
CC   control with a control; (2) treating (M1) an individual with a cell cycle
CC   related disorder, which involves administering to the individual an
CC   inhibitor of TaHo; (3) a recombinant nucleic acid (II) encoding (I),
CC   comprising a nucleic acid that hybridizes under high stringent conditions
CC   to a sequence complementary to the 3797 base pair sequence of ADY97759 or
CC   the 3816 base pair sequence of ADY97760, or a nucleic acid having 85% or
CC   more sequence identity to ADY97759 or ADY97760; (4) an expression vector
CC   (III) comprising (II) operably linked to regulatory sequences recognized
CC   by a host cell (IV) transformed with the nucleic acid; (5) a host cell
CC   comprising (II) or (III); (6) producing (I); (7) a polypeptide that
CC   specifically binds to (I); and (8) inhibiting (M2) growth of a tumor
CC   cell, involves contacting the tumor with a bioactive agent capable of
CC   inhibiting TaHo activity. (I) is useful for screening a bioactive agent
CC   capable of modulating (I), or screening for agents capable of interfering
CC   with the binding of (I) and P21. (M1) is useful for treating an
CC   individual with a cell cycle related disorder. (M2) is useful for
CC   inhibiting growth of a tumor cell by a bioactive agent e.g. antisense
CC   oligonucleotide. The present sequence represents the human tankyrase
CC   homologue isotype 1.
XX
SQ   Sequence 1100 AA;

  Query Match             100.0%;  Score 5585;  DB 9;  Length 1100;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1065;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy       61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy      121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy      181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy      241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy      301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
```

```
Qy      361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy      421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy      481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy      541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy      601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy      661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy      721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy      781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy      841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy      901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy      961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy     1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065


RESULT 9
AAB66295
ID   AAB66295 standard; protein; 1166 AA.
XX
AC   AAB66295;
XX
DT   05-APR-2001  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase2 TANK2-SHORT SEQ ID NO: 135.
XX
KW   Human; tankyrase2; TANK2; TRF1; telomere; cancer; neoplasm; aging;
KW   inflammatory disorder.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200100849-A1.
XX
PD   04-JAN-2001.
XX
PF   28-JUN-2000; 2000WO-US017827.
XX
PR   29-JUN-1999;   99US-0141582P.
XX
```

```
PA   (ICOS-) ICOS CORP.
XX
PI   Christenson E,  Demaggio AJ,  Goldman PS,  Mcelligott DL;
XX
DR   WPI; 2001-102896/11.
DR   N-PSDB; AAF63953.
XX
PT   New tankyrase2 polypeptides, useful for treating conditions mediated by
PT   poly(adenosine diphosphate-ribose) polymerase activity e.g. cancers,
PT   inflammatory and autoimmune disorders.
XX
PS   Claim 3; Page 200-203; 242pp; English.
XX
CC   The present invention provides the protein and coding sequence for the
CC   human tankyrase2 protein. This is found in two different versions,
CC   designated TANK2-LONG and TANK2-SHORT. Tankyrase2 has polyADP-
CC   ribosylation activity and is involved in the modification of TRF1, which
CC   is a telomere-specific binding protein. The regulation of telomere
CC   length, in which TRF1 has a role, is linked to ageing and cancer. The
CC   sequences are useful in the treatment of cancers and inflammatory
CC   disorders
XX
SQ   Sequence 1166 AA;

  Query Match             99.9%;  Score 5582;  DB 4;  Length 1166;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1064;  Conservative    1;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         67 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 126

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        127 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 186

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        187 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 246

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        247 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 306

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        307 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 366

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        367 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 426

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        427 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 486

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        487 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 546

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        547 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 606

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        607 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 666

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        667 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 726

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        727 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 786

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        787 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 846

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        847 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 906

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        907 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 966

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        967 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1026

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1027 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1086

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1087 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1131


RESULT 10
ABP69457
ID   ABP69457 standard; protein; 1166 AA.
XX
AC   ABP69457;
XX
DT   20-JAN-2003  (first entry)
XX
DE   Human polypeptide SEQ ID NO 1504.
XX
KW   Human; genome mapping; gene therapy; food supplement; virus; fungus;
KW   cell-proliferative disorder; neurodegenerative disease; bacterial;
KW   Parkinson's disease; Alzheimer's disease; autoimmune disease;
KW   multiple sclerosis; diabetes; genetic disorder; wound; burn; infection;
KW   arthritis; cytostatic; immunomodulator; nootropic; neuroprotective;
KW   antiparkinsonian; antidiabetic; immunosuppressive; dermatological;
KW   haemostatic; vulnerary; fungicide; antibacterial; virucide; protozoacide;
KW   antiarthritic.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200270539-A2.
XX
PD   12-SEP-2002.
XX
PF   05-MAR-2002; 2002WO-US005095.
XX
PR   05-MAR-2001; 2001US-00799451.
XX
PA   (HYSE-) HYSEQ INC.
XX
PI   Tang YT,  Zhou P,  Goodrich RW,  Asundi V,  Zhang J,  Zhao QA,  Ren F;
PI   Xue AJ,  Yang Y,  Ma Y,  Yamazaki V,  Chen R,  Wang Z,  Ghosh M;
PI   Wehrman T,  Wang J,  Wang D,  Drmanac RT;
XX
DR   WPI; 2002-759812/82.
DR   N-PSDB; ABZ11674.
XX
PT   New polynucleotides comprising sequences assembled from expressed
PT   sequence tags (ESTs), useful for treating cell-proliferative,
PT   neurodegenerative, autoimmune, genetic, myeloid or lymphoid, or platelet
PT   or coagulation disorders.
XX
PS   Claim 9; SEQ ID NO 1504; 1012pp + Sequence Listing; English.
XX
```

```
CC   The invention relates to an isolated polynucleotide (I) comprising a
CC   nucleotide sequence selected from any of 948 sequences (ABZ11119-
CC   ABZ12066) or their mature protein coding portion, active domain coding
CC   protein or complementary sequences. The polynucleotides are useful for
CC   identifying expressed genes or for physical mapping of human genome. The
CC   encoded polypeptides (ABP68902-ABP69849) are useful as molecular weight
CC   markers, as a food supplement, for generating antibodies, in medical
CC   imaging, screening and diagnostic assays and for treating cell-
CC   proliferative disorders (cancer), neurodegenerative diseases (Parkinson's
CC   or Alzheimer's disease), autoimmune diseases (multiple sclerosis,
CC   diabetes, lupus) genetic disorders, myeloid or lymphoid disorders,
CC   platelet or coagulation disorders, wound, burns, incision, ulcers, liver
CC   or lung fibrosis, infections (bacterial, viral, fungal, parasitic),
CC   arthritis, etc. Note: The sequence data for this patent did not form part
CC   of the printed specification, but was obtained in electronic format
CC   directly from WIPO at ftp.wipo.int/pub/published_pct_sequences
XX
SQ   Sequence 1166 AA;

  Query Match             99.9%;  Score 5582;  DB 5;  Length 1166;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1064;  Conservative    1;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         67 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 126

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        127 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 186

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        187 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 246

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        247 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 306

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        307 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 366

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        367 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 426

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        427 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 486

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        487 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 546

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        547 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 606

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        607 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 666

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        667 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 726

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        727 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 786

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        787 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 846

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        847 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 906

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        907 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 966

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        967 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1026

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1027 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1086

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1087 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1131


RESULT 11
ADR14792
ID   ADR14792 standard; protein; 1166 AA.
XX
AC   ADR14792;
XX
DT   04-NOV-2004  (first entry)
XX
DE   Amino acid sequence of human MAPCAX orthologue #24.
XX
KW   adenomatous polyposis coli protein; APC; axin pathway;
KW   modifier of APC and axin; MAPCAX; cancer; human.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO2004066948-A2.
XX
PD   12-AUG-2004.
XX
PF   28-JAN-2004; 2004WO-US002338.
XX
PR   29-JAN-2003; 2003US-0443484P.
PR   11-FEB-2003; 2003US-0447358P.
PR   10-APR-2003; 2003US-0461789P.
PR   14-MAY-2003; 2003US-0470684P.
PR   19-JUN-2003; 2003US-0479650P.
XX
PA   (EXEL-) EXELIXIS INC.
XX
PI   Gendreau SB,  Morablanco EL,  Lickteig K,  Zhang H;
XX
DR   WPI; 2004-580849/56.
DR   N-PSDB; ADR14766.
XX
PT   Identifying a candidate adenomatous polyposis coli protein (APC) and axin
PT   pathways modulating agent for treating cancer by contacting an assay
PT   system comprising a modifier of APC and axin polypeptide or nucleic acid
PT   with a test agent.
XX
PS   Example 1; SEQ ID NO 50; 199pp; English.
XX
CC   The specification describes a method for identifying a candidate
CC   adenomatous polyposis coli protein (APC) and axin pathways modulating
CC   agents. The method comprises providing an assay system comprising a
CC   modifier of APC and axin (MAPCAX) polypeptide or nucleic acid, contacting
CC   the assay system with a test agent under conditions where, except for the
CC   presence of the test agent, the system provides a reference activity, and
CC   detecting a test agent-biased activity of the assay system, where a
CC   difference between the test agent-biased activity and the reference
CC   activity identifies the test agent as a candidate APC and axin pathways
CC   modulating agent. The method is useful in identifying a candidate
CC   adenomatous polyposis coli protein (APC) and a pathways modulating agent,
CC   which are useful for preparing a composition for diagnosing or treating
CC   cancer. The present sequence represents a human orthologue of a
CC   Caenorhabditis elegans MAPCAX polypeptide. The sequence was identified
CC   using BLAST analysis.
XX
SQ   Sequence 1166 AA;

  Query Match             99.9%;  Score 5582;  DB 8;  Length 1166;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1064;  Conservative    1;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         67 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 126

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        127 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 186

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        187 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 246

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        247 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 306

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        307 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 366

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        367 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 426

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        427 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 486

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        487 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 546

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        547 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 606

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        607 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 666

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        667 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 726

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        727 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 786

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        787 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 846

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        847 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 906

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        907 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 966
```

```
Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        967 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1026

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1027 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1086

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1087 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1131


RESULT 12
AAB66288
ID   AAB66288 standard; protein; 1169 AA.
XX
AC   AAB66288;
XX
DT   05-APR-2001  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase2 clone consensus protein SEQ ID NO: 101.
XX
KW   Human; tankyrase2; TANK2; TRF1; telomere; cancer; neoplasm; aging;
KW   inflammatory disorder.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200100849-A1.
XX
PD   04-JAN-2001.
XX
PF   28-JUN-2000; 2000WO-US017827.
XX
PR   29-JUN-1999;   99US-0141582P.
XX
PA   (ICOS-) ICOS CORP.
XX
PI   Christenson E,  Demaggio AJ,  Goldman PS,  Mcelligott DL;
XX
DR   WPI; 2001-102896/11.
DR   N-PSDB; AAF63926.
XX
PT   New tankyrase2 polypeptides, useful for treating conditions mediated by
PT   poly(adenosine diphosphate-ribose) polymerase activity e.g. cancers,
PT   inflammatory and autoimmune disorders.
XX
PS   Example 1; Page 162-1665; 242pp; English.
XX
CC   The present invention provides the protein and coding sequence for the
CC   human tankyrase2 protein. This is found in two different versions,
CC   designated TANK2-LONG and TANK2-SHORT. Tankyrase2 has polyADP-
CC   ribosylation activity and is involved in the modification of TRF1, which
CC   is a telomere-specific binding protein. The regulation of telomere
CC   length, in which TRF1 has a role, is linked to ageing and cancer. The
CC   sequences are useful in the treatment of cancers and inflammatory
CC   disorders
XX
SQ   Sequence 1169 AA;

  Query Match             99.9%;  Score 5582;  DB 4;  Length 1169;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1064;  Conservative    1;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         70 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 129

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        130 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 189

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        190 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 249

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        250 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 309

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        310 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 369

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        370 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 429

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        430 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 489

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        490 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 549

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        550 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 609

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        610 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 669

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        670 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 729

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        730 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 789

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        790 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 849

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        850 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 909

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        910 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 969

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        970 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1029

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1030 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1089

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1090 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1134


RESULT 13
AAB66278
ID   AAB66278 standard; protein; 1169 AA.
XX
AC   AAB66278;
XX
DT   05-APR-2001  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase2 related protein sequence SEQ ID NO: 2.
XX
KW   Human; tankyrase2; TANK2; TRF1; telomere; cancer; neoplasm; aging;
KW   inflammatory disorder.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200100849-A1.
XX
PD   04-JAN-2001.
XX
PF   28-JUN-2000; 2000WO-US017827.
XX
PR   29-JUN-1999;   99US-0141582P.
XX
PA   (ICOS-) ICOS CORP.
XX
PI   Christenson E,  Demaggio AJ,  Goldman PS,  Mcelligott DL;
XX
DR   WPI; 2001-102896/11.
DR   N-PSDB; AAF63837.
XX
PT   New tankyrase2 polypeptides, useful for treating conditions mediated by
PT   poly(adenosine diphosphate-ribose) polymerase activity e.g. cancers,
PT   inflammatory and autoimmune disorders.
XX
PS   Disclosure; Page 109-113; 242pp; English.
XX
CC   The present invention provides the protein and coding sequence for the
CC   human tankyrase2 protein. This is found in two different versions,
CC   designated TANK2-LONG and TANK2-SHORT. Tankyrase2 has polyADP-
CC   ribosylation activity and is involved in the modification of TRF1, which
CC   is a telomere-specific binding protein. The regulation of telomere
CC   length, in which TRF1 has a role, is linked to ageing and cancer. The
CC   sequences are useful in the treatment of cancers and inflammatory
CC   disorders
XX
SQ   Sequence 1169 AA;

  Query Match             99.9%;  Score 5582;  DB 4;  Length 1169;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1064;  Conservative    1;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         70 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 129

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        130 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 189

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        190 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 249

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        250 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 309

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        310 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 369

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        370 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 429

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        430 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 489

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        490 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 549
```

```
Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        550 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 609

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        610 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 669

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        670 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 729

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        730 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 789

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        790 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 849

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        850 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 909

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        910 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 969

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        970 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1029

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1030 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1089

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1090 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1134


RESULT 14
AAY97749
ID   AAY97749 standard; protein; 1240 AA.
XX
AC   AAY97749;
XX
DT   06-AUG-2001  (first entry)
XX
DE   Tankyrase homologue isotype 2 protein sequence.
XX
KW   Tankyrase homologue isotype 2; TaHo-1; TaHo-2; cell proliferation;
KW   cell cycle protein; cell cycle associated disorder; cancer; gene mapping;
KW   chromosome mapping; gene therapy; vaccine.
XX
OS   Unidentified.
XX
PN   WO200130987-A2.
XX
PD   03-MAY-2001.
XX
PF   25-OCT-2000; 2000WO-US041528.
XX
PR   25-OCT-1999;   99US-00427154.
XX
PA   (RIGE-) RIGEL PHARM INC.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B;
XX
DR   WPI; 2001-300503/31.
DR   N-PSDB; AAA91488.
XX
PT   Novel recombinant cell cycle polypeptide, tankyrase H useful for inducing
PT   or preventing cell proliferation in cells, and for diagnosing, treating
PT   or preventing cell cycle associated disorders such as cancer.
XX
PS   Claim 22; Fig 4; 63pp; English.
XX
CC   This sequence is the Tankyrase homologue isotype 2 (TaHo-2) protein of
CC   the invention. The invention also relates to the TaHo-2 protein. The TaHo
CC   proteins are useful for inducing or preventing cell proliferation in
CC   cells, and in the study or treatment of conditions mediated by the cell
CC   cycle proteins, such as to diagnose, treat or prevent cell cycle
CC   associated disorders, preferably cancer. The TaHo coding sequences are
CC   useful as hybridisation probes, in chromosome and gene mapping and in the
CC   generation of anti-sense DNA and RNA. The coding sequences are also
CC   useful for the preparation of TaHo, for generating either transgenic
CC   animals or knock out animals which, in turn, are useful in a development
CC   and screening of therapeutically useful agents, in gene therapy, as
CC   vaccine, and for construction of hybridisation probes for mapping the
CC   gene which encodes TaHo and for the genetic analysis of individuals with
CC   genetic disorders. The TaHo proteins, and their coding sequences are
CC   useful in screening assays
XX
SQ   Sequence 1240 AA;

  Query Match             99.9%;  Score 5582;  DB 4;  Length 1240;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1064;  Conservative    1;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        141 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 200

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        201 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 260

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        261 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 320

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        321 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 380

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        381 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 440

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        441 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 500

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        501 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 560

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        561 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 620

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        621 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 680

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        681 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 740

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        741 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 800

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        801 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 860

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        861 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 920

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        921 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 980

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        981 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 1040

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1041 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1100

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1101 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1160

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1161 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1205


RESULT 15
ABG73731
ID   ABG73731 standard; protein; 1240 AA.
XX
AC   ABG73731;
XX
DT   08-APR-2003  (first entry)
XX
DE   Tankyrase H isotype 2 TaHo-2 fragment from clone K23.
XX
KW   Tankyrase; tankyrase H; cell cycle protein; growth inhibitor; TaHo-2;
KW   TaHo; cytostatic; immunostimulant; gene therapy; vaccine; cancer; tumour;
KW   cell cycle related disorder; poly ADP-ribose polymerase; PARP.
XX
OS   Unidentified.
XX
PN   WO200286170-A1.
XX
PD   31-OCT-2002.
XX
PF   25-APR-2002; 2002WO-US013185.
XX
PR   25-APR-2001; 2001US-00843159.
XX
PA   (RIGE-) RIGEL PHARM INC.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B,  Ossovskaya V;
XX
DR   WPI; 2003-093158/08.
DR   N-PSDB; ABQ77067.
XX
PT   New recombinant nucleic acid encoding a cell cycle protein, useful for
PT   diagnosing and treating a cell cycle related disorder, e.g. cancer.
XX
PS   Claim 14; Fig 4; 90pp; English.
XX
CC   This invention describes a novel recombinant nucleic acid encoding the
CC   cell cycle protein TaHo, a tankyrase H isoform. The products of the
CC   invention have cytostatic and immunostimulant activity and can be used
CC   for gene therapy and in vaccines. The cell cycle protein TaHo and the
CC   nucleic acid encoding the protein are useful for diagnosing and treating
CC   a cell cycle related disorder, e.g. cancer, or for inhibiting growth of a
CC   tumour cell. The methods are useful for screening for a bioactive agent
CC   capable of binding to a cell cycle protein tankyrase H, or a bioactive
CC   agent capable of modulating a cell cycle protein tankyrase H or PARP
CC   (poly ADP-ribose polymerase) activity. The antibodies are useful for
CC   inducing an immune response against the cell cycle proteins. This
CC   sequence represents the tankyrase H isoform 2, TaHo-2, isolated from
CC   clone K23 which is described in the disclosure of the invention
XX
SQ   Sequence 1240 AA;

  Query Match             99.9%;  Score 5582;  DB 6;  Length 1240;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1064;  Conservative    1;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        141 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 200

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        201 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 260

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        261 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 320

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        321 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 380

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        381 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 440

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        441 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 500

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        501 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 560

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        561 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 620

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        621 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 680

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        681 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 740

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        741 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 800

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        801 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 860

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        861 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 920

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        921 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 980

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        981 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 1040

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1041 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1100

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1101 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1160

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1161 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1205

Search completed: December 18, 2006, 17:26:52
Job time : 142.536 secs
```

```
                  GenCore version 5.1.9
           Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.

OM protein - protein search, using sw model

Run on:         December 18, 2006, 17:51:56 ; Search time 132.143 Seconds
                                           (without alignments)
                                           3733.253 Million cell updates/sec

Title:          US-10-616-101-3
Perfect score:  5585
Sequence:       1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQA..........AMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065

Scoring table:  BLOSUM62
                Gapop 10.0 , Gapext 0.5

Searched:       2097797 seqs, 463214858 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      2097797

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       Published_Applications_AA_Main:*
                1:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpaa/US07_PUBCOMB.pep:*
                2:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpaa/US08_PUBCOMB.pep:*
                3:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpaa/US09_PUBCOMB.pep:*
                4:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpaa/US10A_PUBCOMB.pep:*
                5:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpaa/US10B_PUBCOMB.pep:*
                6:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpaa/US11_PUBCOMB.pep:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                               SUMMARIES
                 %                                   Prior art (✓)
Result           Query
  No.    Score   Match Length DB  ID                      Description
------------------------------------------------------------------------
    1     5585   100.0   1065  5  US-10-616-101-3         Sequence 3, Appli
    2     5585   100.0   1083  5  US-10-616-101-12        Sequence 12, Appl
    3     5585   100.0   1100  5  US-10-616-101-8         Sequence 8, Appli
    4     5582    99.9   1166  3  US-09-972-115A-6        Sequence 6, Appli
    5     5582    99.9   1166  4  US-10-163-587A-15       Sequence 15, Appl
    6     5582    99.9   1166  4  US-10-199-937-135   ✓   Sequence 135, App
    7     5582    99.9   1169  4  US-10-199-937-2     ✓   Sequence 2, Appli
    8     5582    99.9   1169  4  US-10-199-937-101   ✓   Sequence 101, App
    9     5582    99.9   1240  5  US-10-616-101-4         Sequence 4, Appli
   10     5582    99.9   1262  4  US-10-199-937-107       Sequence 107, App
   11     5582    99.9   1385  4  US-10-199-937-133       Sequence 133, App
   12     5579    99.9   1100  5  US-10-616-101-11        Sequence 11, Appl
   13     5421    97.1   1074  3  US-09-509-196A-2    ✓   Sequence 2, Appli
   14   5363.5    96.0   1227  3  US-09-849-602-26        Sequence 26, Appl
   15   4740.5    84.9   1327  3  US-09-841-835-2         Sequence 2, Appli
   16   4740.5    84.9   1327  3  US-09-972-115A-8        Sequence 8, Appli
   17   4740.5    84.9   1327  4  US-10-199-937-4         Sequence 4, Appli
   18   4739.5    84.9   1333  3  US-09-972-115A-2        Sequence 2, Appli
   19     4663    83.5   1267  3  US-09-972-115A-4        Sequence 4, Appli
   20     3918    70.2    784  4  US-10-199-937-89        Sequence 89, Appl
   21     3775    67.6    756  4  US-10-199-937-91        Sequence 91, Appl
   22   3706.5    66.4   1181  4  US-10-199-937-139       Sequence 139, App
   23   3706.5    66.4   1181  6  US-11-097-143-9474      Sequence 9474, Ap
   24     3412    61.1    802  3  US-09-964-899-41        Sequence 41, Appl
   25     3412    61.1    802  5  US-10-975-523-41        Sequence 41, Appl
   26     3093    55.4    949  3  US-09-841-835-10        Sequence 10, Appl
   27     2916    52.2    583  5  US-10-616-101-10        Sequence 10, Appl
   28     2367    42.4    522  4  US-10-199-937-99        Sequence 99, Appl
   29     2165    38.8    415  4  US-10-276-774-1690      Sequence 1690, Ap
   30   1918.5    34.4    673  3  US-09-841-835-8         Sequence 8, Appli
   31     1895    33.9    362  4  US-10-199-937-160       Sequence 160, App
   32   1869.5    33.5   1099  4  US-10-199-937-178       Sequence 178, App
   33     1038    18.6    338  5  US-10-616-101-9         Sequence 9, Appli
   34    877.5    15.7   1765  5  US-10-055-877-140       Sequence 140, App
   35    875.5    15.7   4274  5  US-10-450-763-31331     Sequence 31331, A
   36    875.5    15.7   4377  5  US-10-756-149-4917      Sequence 4917, Ap
   37    875.5    15.7   4384  5  US-10-821-234-1120      Sequence 1120, Ap
   38    875.5    15.7   4386  5  US-10-450-763-37734     Sequence 37734, A
   39    871.5    15.6   1940  5  US-10-055-877-141       Sequence 141, App
   40    863.5    15.5   1762  4  US-10-205-194-117       Sequence 117, App
   41    860.5    15.4   1330  4  US-10-108-260A-3237     Sequence 3237, Ap
   42    852.5    15.3   4397  5  US-10-450-763-52303     Sequence 52303, A
   43      836    15.0   1549  6  US-11-097-143-1776      Sequence 1776, Ap
   44      836    15.0   1549  6  US-11-097-143-29028     Sequence 29028, A
   45      820    14.7   1159  5  US-10-055-877-139       Sequence 139, App

                              ALIGNMENTS

RESULT 1
US-10-616-101-3
; Sequence 3, Application US/10616101
; Publication No. US20050074825A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  APPLICANT:  Ossovskaya, Valeria
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods
;  FILE REFERENCE: RIGL-010CIP3
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/616,101
;  CURRENT FILING DATE:  2003-07-08
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/843,159
;  PRIOR FILING DATE: 2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 19
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 1065
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-616-101-3

  Query Match             100.0%;  Score 5585;  DB 5;  Length 1065;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1065;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065


RESULT 2
US-10-616-101-12
; Sequence 12, Application US/10616101
; Publication No. US20050074825A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  APPLICANT:  Ossovskaya, Valeria
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods
;  FILE REFERENCE: RIGL-010CIP3
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/616,101
;  CURRENT FILING DATE:  2003-07-08
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/843,159
;  PRIOR FILING DATE: 2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 19
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 12
;   LENGTH: 1083
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Artificial sequence
;   FEATURE:
;   OTHER INFORMATION: synthetic mutant
US-10-616-101-12

  Query Match             100.0%;  Score 5585;  DB 5;  Length 1083;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1065;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
```

```
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065


RESULT 3
US-10-616-101-8
; Sequence 8, Application US/10616101
; Publication No. US20050074825A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  APPLICANT:  Ossovskaya, Valeria
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods
;  FILE REFERENCE: RIGL-010CIP3
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/616,101
;  CURRENT FILING DATE:  2003-07-08
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/843,159
;  PRIOR FILING DATE: 2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 19
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 8
;   LENGTH: 1100
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-616-101-8

  Query Match            100.0%;  Score 5585;  DB 5;  Length 1100;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1065;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065

RESULT 4
US-09-972-115A-6
; Sequence 6, Application US/09972115A
; Publication No. US20030032769A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:  Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 6
;   LENGTH: 1166
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-972-115A-6
```

already issued.
see issued result NO.4

```
  Query Match             99.9%;  Score 5582;  DB 3;  Length 1166;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1064;  Conservative    1;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         67 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 126

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        127 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 186

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        187 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 246

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        247 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 306

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        307 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 366

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        367 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 426

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        427 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 486

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        487 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 546

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        547 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 606

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        607 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 666

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        667 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 726

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        727 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 786

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        787 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 846

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        847 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 906

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        907 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 966

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        967 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1026

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1027 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1086

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1087 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1131

RESULT 5
US-10-163-587A-15
; Sequence 15, Application US/10163587A
; Publication No. US20030096263A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Oliveira, Marcos
;  TITLE OF INVENTION: SELECTIVE PARP-1 TARGETING FOR DESIGNING CHEMO/RADIO SENSITIZING
;  FILE REFERENCE: 50229-306
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/163,587A
;  CURRENT FILING DATE:  2003-01-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/296,110
;  PRIOR FILING DATE: 2001-06-07
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 40
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 15
;   LENGTH: 1166
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-163-587A-15

  Query Match             99.9%;  Score 5582;  DB 4;  Length 1166;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1064;  Conservative    1;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         67 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 126

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        127 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 186

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        187 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 246

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        247 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 306

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        307 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 366

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        367 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 426

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        427 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 486

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        487 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 546

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        547 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 606

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        607 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 666

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        667 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 726

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        727 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 786

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        787 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 846

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        847 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 906

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        907 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 966

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        967 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1026

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1027 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1086

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1087 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1131

RESULT 6
US-10-199-937-135
; Sequence 135, Application US/10199937
; Publication No. US20030190739A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Christenson, Erik
;  APPLICANT:  DeMaggio, Anthony J.
;  APPLICANT:  Goldman, Phyllis S.
;  APPLICANT:  McElligott, David L.
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE2 MATERIALS AND METHODS
;  FILE REFERENCE: 27866/36559
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/199,937
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/606,035
;  PRIOR FILING DATE: 2000-06-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/141,582
;  PRIOR FILING DATE: 1999-06-29
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 135
;   LENGTH: 1166
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-199-937-135

  Query Match            99.9%;  Score 5582;  DB 4;  Length 1166;
  Best Local Similarity  99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1064;  Conservative    1;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         67 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 126

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        127 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 186

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        187 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 246

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        247 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 306
```

```
Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        307 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 366

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        367 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 426

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        427 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 486

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        487 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 546

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        547 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 606

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        607 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 666

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        667 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 726

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        727 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 786

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        787 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 846

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        847 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 906

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        907 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 966

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        967 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1026

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1027 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1086

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1087 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1131

RESULT 7
US-10-199-937-2
; Sequence 2, Application US/10199937
; Publication No. US20030190739A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Christenson, Erik
;  APPLICANT:  DeMaggio, Anthony J.
;  APPLICANT:  Goldman, Phyllis S.
;  APPLICANT:  McElligott, David L.
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE2 MATERIALS AND METHODS
;  FILE REFERENCE: 27866/36559
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/199,937
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/606,035
;  PRIOR FILING DATE: 2000-06-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/141,582
;  PRIOR FILING DATE: 1999-06-29
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 2
;   LENGTH: 1169
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-199-937-2

  Query Match             99.9%;  Score 5582;  DB 4;  Length 1169;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1064;  Conservative    1;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         70 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 129

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        130 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 189

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        190 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 249

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        250 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 309

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        310 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 369

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        370 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 429

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        430 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 489

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        490 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 549

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        550 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 609

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        610 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 669

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        670 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 729

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        730 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 789

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        790 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 849

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        850 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 909

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        910 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 969

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        970 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1029

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1030 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1089

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1090 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1134

RESULT 8
US-10-199-937-101
; Sequence 101, Application US/10199937
; Publication No. US20030190739A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Christenson, Erik
;  APPLICANT:  DeMaggio, Anthony J.
;  APPLICANT:  Goldman, Phyllis S.
;  APPLICANT:  McElligott, David L.
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE2 MATERIALS AND METHODS
;  FILE REFERENCE: 27866/36559
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/199,937
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/606,035
;  PRIOR FILING DATE: 2000-06-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/141,582
;  PRIOR FILING DATE: 1999-06-29
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 101
;   LENGTH: 1169
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-199-937-101

  Query Match             99.9%;  Score 5582;  DB 4;  Length 1169;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1064;  Conservative    1;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         70 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 129

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        130 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 189

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        190 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 249

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        250 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 309

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        310 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 369

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        370 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 429

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        430 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 489

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        490 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 549
```

```
Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        550 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 609

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        610 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 669

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        670 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 729

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        730 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 789

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        790 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 849

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        850 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 909

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        910 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 969

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        970 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1029

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1030 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1089

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1090 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1134


RESULT 9
US-10-616-101-4
; Sequence 4, Application US/10616101
; Publication No. US20050074825A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  APPLICANT:  Ossovskaya, Valeria
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods
;  FILE REFERENCE: RIGL-010CIP3
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/616,101
;  CURRENT FILING DATE:  2003-07-08
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/843,159
;  PRIOR FILING DATE: 2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 19
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 4
;   LENGTH: 1240
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-616-101-4

  Query Match             99.9%;  Score 5582;  DB 5;  Length 1240;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1064;  Conservative    1;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        141 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 200

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        201 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 260

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        261 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 320

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        321 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 380

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        381 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 440

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        441 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 500

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        501 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 560

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        561 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 620

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        621 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 680

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        681 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 740

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        741 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 800

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        801 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 860

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        861 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 920

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        921 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 980

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        981 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 1040

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1041 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1100

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1101 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1160

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1161 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1205
```

```
RESULT 10
US-10-199-937-107
; Sequence 107, Application US/10199937
; Publication No. US20030190739A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Christenson, Erik
;  APPLICANT:  DeMaggio, Anthony J.
;  APPLICANT:  Goldman, Phyllis S.
;  APPLICANT:  McElligott, David L.
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE2 MATERIALS AND METHODS
;  FILE REFERENCE: 27866/36559
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/199,937
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/606,035
;  PRIOR FILING DATE: 2000-06-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/141,582
;  PRIOR FILING DATE: 1999-06-29
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 107
;   LENGTH: 1262
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-199-937-107

  Query Match             99.9%;  Score 5582;  DB 4;  Length 1262;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1064;  Conservative    1;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        163 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 222

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        223 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 282

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        283 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 342

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        343 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 402

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        403 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 462

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        463 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 522

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        523 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 582

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        583 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 642

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        643 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 702

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        703 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 762

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        763 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 822

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        823 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 882

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        883 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 942

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        943 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 1002

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1003 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 1062

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1063 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1122

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1123 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1182

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1183 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1227

RESULT 11
US-10-199-937-133
; Sequence 133, Application US/10199937
; Publication No. US20030190739A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Christenson, Erik
;  APPLICANT:  DeMaggio, Anthony J.
;  APPLICANT:  Goldman, Phyllis S.
;  APPLICANT:  McElligott, David L.
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE2 MATERIALS AND METHODS
;  FILE REFERENCE: 27866/36559
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/199,937
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/606,035
;  PRIOR FILING DATE: 2000-06-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/141,582
;  PRIOR FILING DATE: 1999-06-29
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 133
;   LENGTH: 1385
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-199-937-133

  Query Match             99.9%;  Score 5582;  DB 4;  Length 1385;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1064;  Conservative    1;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        286 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 345

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        346 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 405

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        406 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 465

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          466 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 525

Qy          241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          526 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 585

Qy          301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          586 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 645

Qy          361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          646 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 705

Qy          421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          706 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 765

Qy          481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          766 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 825

Qy          541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          826 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 885

Qy          601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          886 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 945

Qy          661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          946 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 1005

Qy          721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1006 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 1065

Qy          781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1066 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 1125

Qy          841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1126 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 1185

Qy          901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1186 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1245

Qy          961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1246 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1305

Qy         1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1306 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1350

RESULT 12
US-10-616-101-11
; Sequence 11, Application US/10616101
; Publication No. US20050074825A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  APPLICANT:  Ossovskaya, Valeria
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods
;  FILE REFERENCE: RIGL-010CIP3
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/616,101
;  CURRENT FILING DATE:  2003-07-08
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/843,159
;  PRIOR FILING DATE: 2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 19
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 11
;   LENGTH: 1100
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Artificial sequence
;   FEATURE:
;   OTHER INFORMATION: synthetic mutant
US-10-616-101-11

  Query Match             99.9%;  Score 5579;  DB 5;  Length 1100;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1064;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy            1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy           61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy          121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy          181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy          241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy          301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy          361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy          421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy          481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy          541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy          601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy          661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy          721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy          781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy         841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy         901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy         961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
               |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Db         961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYLAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy        1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065

RESULT 13
US-09-509-196A-2
; Sequence 2, Application US/09509196A
; Patent No. US20020037582A1
; GENERAL INFORMATION:
;  ~~APPLICANT:  DALY, Roger J.~~
;  APPLICANT:  SUTHERLAND, Robert L.
;  TITLE OF INVENTION:  A Potential Effector for the Grb7 Family of Signalling
;  TITLE OF INVENTION:  Proteins
;  FILE REFERENCE:  1871-129
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/509,196A
;  CURRENT FILING DATE:  2000-03-23
;  PRIOR APPLICATION NUMBER:  P09388
;  PRIOR FILING DATE:  1997-09-23
;  PRIOR APPLICATION NUMBER:  PCT AU98/00795
;  PRIOR FILING DATE:  1998-09-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS:  2
;  SOFTWARE:  PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 2
;   LENGTH: 1074
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-509-196A-2

  Query Match             97.1%;  Score 5421;  DB 3;  Length 1074;
  Best Local Similarity   99.5%;  Pred. No. 0;
  Matches 1034;  Conservative    1;  Mismatches    4;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          27 IPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTI 86
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           1 IPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTI 60

Qy          87 RNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKS 146
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          61 RNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKS 120

Qy         147 TPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNA 206
               |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Db         121 TPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGRDVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGGCVNA 180

Qy         207 MDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKG 266
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db         181 MDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCKNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKG 240

Qy         267 HSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGAN 326
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         241 HSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGAN 300

Qy         327 INEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLL 386
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         301 INEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLL 360

Qy         387 LSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLC 446
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         361 LSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLC 420

Qy         447 TVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHY 506
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         421 TVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHY 480

Qy         507 EVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLV 566
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         481 EVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLV 540

Qy         567 KDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNL 626
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         541 KDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNL 600

Qy         627 EVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEA 686
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| :|||||||||||||||
Db         601 EVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNASLNATDKWAFTPLHEA 660

Qy         687 AQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVL 746
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         661 AQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVL 720

Qy         747 NGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVP 806
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         721 NGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVP 780

Qy         807 GVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVER 866
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         781 GVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVER 840

Qy         867 LISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRY 926
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         841 LISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRY 900

Qy         927 NILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIG 986
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         901 NILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIG 960

Qy         987 GMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSA 1046
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         961 GMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSA 1020

Qy        1047 MKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
               |||||||||||||||||||
Db        1021 MKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1039

RESULT 14
US-09-849-602-26
; Sequence 26, Application US/09849602
; Publication No. US20030165834A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Scanlan, Matthew J.
;  APPLICANT:  Old, Lloyd J.
;  APPLICANT:  Stockert, Elisabeth
;  APPLICANT:  Chen, Yao-Tseng
;  TITLE OF INVENTION: Colon Cancer Antigen Panel
;  FILE REFERENCE: L0461/7105(JRV)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/849,602
;  CURRENT FILING DATE:  2001-05-04
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 30
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO 26
;   LENGTH: 1227
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-849-602-26

  Query Match             96.0%;  Score 5363.5;  DB 3;  Length 1227;
  Best Local Similarity   97.1%;  Pred. No. 0;
  Matches 1035;  Conservative    3;  Mismatches   25;  Indels    3;  Gaps    2;
```

```
Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        129 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 188

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        189 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 248

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        249 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 308

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        309 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 368

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        369 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 428

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        429 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 488

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        489 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 548

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        549 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 608

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        609 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 668

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        669 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 728

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        729 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 788

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        789 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 848

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        849 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 908

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        909 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 968

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        969 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 1028

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1029 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1088

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHK- 1019
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||    | 
Db       1089 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGVQFTKT 1148

Qy       1020 DRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |   :     ||     ||| |      :   ||||||||||||||
Db       1149 DLVTFATAAALL--PGNLGKVFPAVQCNENGTSPPGHHSVTGRPSV 1192
```

```
RESULT 15
US-09-841-835-2
; Sequence 2, Application US/09841835
; Patent No. US20020076795A1
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  de Lange, Titia
;    APPLICANT:  Smith, Susan
;    TITLE OF INVENTION:  A PROTEIN THAT BINDS TO TRF1 AND METHODS
;    TITLE OF INVENTION:  OF USE THEREOF
;    NUMBER OF SEQUENCES:  12
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Klauber & Jackson
;      STREET:  411 Hackensack Avenue, 4th Floor
;      CITY:  Hackensack
;      STATE:  New Jersey
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  07601
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/09/841,835
;      FILING DATE:
;      CLASSIFICATION:
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  09/196,387
;      FILING DATE:
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Jackson Esq., David A.
;      REGISTRATION NUMBER:  26,742
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  600-1-230 CIP1
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  201-487-5800
;      TELEFAX:  201-343-1684
;      TELEX:  133521
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  2:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  1327 amino acids
;      TYPE:  amino acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  protein
;    HYPOTHETICAL:  NO
US-09-841-835-2

  Query Match            84.9%;  Score 4740.5;  DB 3;  Length 1327;
  Best Local Similarity  82.7%;  Pred. No. 0;
  Matches  882;  Conservative   97;  Mismatches   79;  Indels    9;  Gaps    2;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              |||||||||:||| ||:| ||||||||||||||||||||||:|||  |||||||||||||
Db        225 GFGRKDVVEHLLQMGANVHARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVSLLLCQGADPNARDNWNYT 284

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||:| ||||||::||||||||||||||||||||||||:||
Db        285 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGADPNIRNTDGKSALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLEAAR 344

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||||||||| ||
Db        345 SGNEEKLMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQHGADVHAKDKGGLV 404

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              |||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||:
Db        405 PLHNACSYGHYEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSHGADPTLV 464

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||| |||:|:||||:|:||| ||||||||||||||||: ::|| |:||::||| ||:|||
Db        465 NCHGKSAVDMAPTPELRERLTYEFKGHSLLQAAREADLAKVKKTLALEIINFKQPQSHET 524

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||| || :|||||: |||||||||:||| |:|:||||||:|:|||||:||: || ||:
```

```
Db       525 ALHCAVASLHPKRKQVTELLLRKGANVNEKNKDFMTPLHVAAERAHNDVMEVLHKHGAKM 584

Qy       361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
             |||| ||||:|||||  ||||||||||||| ||:||||||||| ||||| |||:| |
Db       585 NALDTLGQTALHRAALAGHLQTCRLLLSYGSDPSIISLQGFTAAQMGNEAVQQILSESTP 644

Qy       421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
             :  |: | :||||:||||:||||:||: |:|||||:||| ||||||||||||||||||||
Db       645 IRTSDVDYRLLEASKAGDLETVKQLCSSQNVNCRDLEGRHSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 704

Qy       481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||:||| ||||||||||||||||||||||
Db       705 HHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 764

Qy       541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
             ||||||:||||||||||||||||||||:|||||||||:|||||||||||||||||:|| :
Db       765 ICKLLLKHGADPTKKNRDGNTPLDLVKEGDTDIQDLLKGDAALLDAAKKGCLARVQKLCT 824

Qy       601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
             |:|:||||||||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||
Db       825 PENINCRDTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 884

Qy       661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
             :|||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||| :
Db       885 IAALLIKYNTCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTMKNQEGQTPLDLAT 944

Qy       721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
             |||: |||  |||| |||:|:|||           : :| |  |:|| ||||||:|||:|
Db       945 ADDIRALLIDAMPPEALPTCFKPQAT-------VVSASLISPASTPSCLSAASSIDNLTG 997

Qy       781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKK--EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVL 838
               :||:   :|:  :||:  |:|  || |:| :|:||:::|||||| |||| ||||||||
Db       998 PLAELAVGGASNAGDGAAGTERKEGEVAGLDMNISQFLKSLGLEHLRDIFETEQITLDVL 1057

Qy       839 VEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKE 898
              :|||:|||||||||||||||||||||||: |||| ||||| :    ||||:||:|:|||
Db      1058 ADMGHEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQGTNPYLTFHCVNQGTILLDLAPEDKE 1117

Qy       899 FQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHA 958
             :||||||||||:|||||||:|||||||||:::|||| |||| ||: ||:||||||||||
Db      1118 YQSVEEEMQSTIREHRDGGNAGGIFNRYNVIRIQKVVNKKLRERFCHRQKEVSEENHNHH 1177

Qy       959 NERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVH 1018
             |||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Db      1178 NERMLFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPTH 1237

Qy      1019 KDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
             |||||||||||:||||||||||||||| |||||:||||||| |||||
Db      1238 KDRSCYICHRQMLFCRVTLGKSFLQFSTMKMAHAPPGHHSVIGRPSV 1284

Search completed: December 18, 2006, 17:59:59
Job time : 136.143 secs
```

```
                 GenCore version 5.1.9
          Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.

OM protein - protein search, using sw model

Run on:         December 18, 2006, 17:34:55 ; Search time 35.577 Seconds
                                         (without alignments)
                                         2620.235 Million cell updates/sec

Title:          US-10-616-101-3
Perfect score:  5585
Sequence:       1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQA..........AMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065

Scoring table:  BLOSUM62
                Gapop 10.0 , Gapext 0.5

Searched:       650591 seqs, 87530628 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      650591

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       Issued_Patents_AA:*
                1:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/iaa/5_COMB.pep:*
                2:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/iaa/6_COMB.pep:*
                3:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/iaa/7_COMB.pep:*
                4:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/iaa/H_COMB.pep:*
                5:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/iaa/PCTUS_COMB.pep:*
                6:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/iaa/RE_COMB.pep:*
                7:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/iaa/backfiles1.pep:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

Prior                                  SUMMARIES
                     %                          Prior (✓)
Result              Query                       Art
  No.     Score     Match Length DB  ID                         Description
----------------------------------------------------------------------------
    1      5585     100.0   1083  2  US-09-843-159B-10          Sequence 10, Appl
    2      5585     100.0   1100  2  US-09-696-668-3            Sequence 3, Appli
    3      5585     100.0   1100  2  US-09-843-159B-3           Sequence 3, Appli
  • 4      5582      99.9   1166  2  US-09-972-115A-6  ✓        Sequence 6, Appli
    5      5582      99.9   1240  2  US-09-696-668-4            Sequence 4, Appli
    6      5582      99.9   1240  2  US-09-843-159B-4           Sequence 4, Appli
    7      5579      99.9   1100  2  US-09-843-159B-9           Sequence 9, Appli
    8    5542.5      99.2   1100  2  US-09-427-154-2            Sequence 2, Appli
  • 9      5533      99.1   1166  2  US-09-350-982C-5  ✓        Sequence 5, Appli
   10    5363.5      96.0   1227  2  US-09-849-602-26           Sequence 26, Appl
   11    4740.5      84.9   1327  2  US-09-196-387-2            Sequence 2, Appli
   12    4740.5      84.9   1327  2  US-09-841-835-2            Sequence 2, Appli
   13    4740.5      84.9   1327  2  US-09-972-115A-8           Sequence 8, Appli
   14    4739.5      84.9   1333  2  US-09-972-115A-2           Sequence 2, Appli
   15      4663      83.5   1267  2  US-09-972-115A-4           Sequence 4, Appli
   16      3412      61.1    802  2  US-09-964-899-41           Sequence 41, Appl
   17      3093      55.4    949  2  US-09-196-387-10           Sequence 10, Appl
   18      3093      55.4    949  2  US-09-841-835-10           Sequence 10, Appl
   19      2916      52.2    583  2  US-09-843-159B-8           Sequence 8, Appli
   20    1918.5      34.4    673  2  US-09-196-387-8            Sequence 8, Appli
   21    1918.5      34.4    673  2  US-09-841-835-8            Sequence 8, Appli
   22     875.5      15.7   4377  2  US-09-949-016-6978         Sequence 6978, Ap
   23     860.5      15.4   1839  1  US-09-172-977-4            Sequence 4, Appli
   24     860.5      15.4   1839  2  US-09-404-108-4            Sequence 4, Appli
   25     860.5      15.4   3924  2  US-09-538-092-1246         Sequence 1246, Ap
   26       842      15.1   1719  2  US-09-949-016-6966         Sequence 6966, Ap
   27       842      15.1   1856  2  US-09-949-016-6964         Sequence 6964, Ap
   28       842      15.1   1880  2  US-09-949-016-5876         Sequence 5876, Ap
   29       842      15.1   1881  2  US-09-949-016-6965         Sequence 6965, Ap
   30       842      15.1   1883  2  US-09-949-016-9010         Sequence 9010, Ap
   31       842      15.1   1883  2  US-09-949-016-9011         Sequence 9011, Ap
   32       842      15.1   1883  2  US-09-949-016-9012         Sequence 9012, Ap
   33       842      15.1   1883  2  US-09-949-016-9013         Sequence 9013, Ap
   34       842      15.1   1883  2  US-09-949-016-9014         Sequence 9014, Ap
   35       842      15.1   1883  2  US-09-949-016-9015         Sequence 9015, Ap
   36       842      15.1   1883  2  US-09-949-016-9016         Sequence 9016, Ap
   37       842      15.1   1883  2  US-09-949-016-9017         Sequence 9017, Ap
   38     841.5      15.1    843  1  US-09-172-977-3            Sequence 3, Appli
   39     841.5      15.1    843  2  US-09-404-108-3            Sequence 3, Appli
   40       821      14.7   1745  1  US-09-031-485-33           Sequence 33, Appl
   41       821      14.7   1745  1  US-08-847-429A-33          Sequence 33, Appl
   42       821      14.7   1745  2  US-09-065-474-33           Sequence 33, Appl
   43       821      14.7   1745  2  US-09-557-034-33           Sequence 33, Appl
   44       799      14.3   2753  2  US-09-949-016-7659         Sequence 7659, Ap
   45       799      14.3   2753  2  US-09-949-016-7660         Sequence 7660, Ap


                                ALIGNMENTS


RESULT 1
US-09-843-159B-10
; Sequence 10, Application US/09843159B
; Patent No. 6887675
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Yin
;  APPLICANT:  Chan, Evan
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods c
;  FILE REFERENCE: A-68292-2/RMS/DHR
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/843,159B
;  CURRENT FILING DATE:  2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 17
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 10
;   LENGTH: 1083
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Artificial sequence
;   FEATURE:
;   OTHER INFORMATION: synthetic mutant
US-09-843-159B-10

  Query Match             100.0%;  Score 5585;  DB 2;  Length 1083;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1065;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
```

```
RESULT 2
US-09-696-668-3
; Sequence 3, Application US/09696668
; Patent No. 6617102
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  APPLICANT:  Ossovskaya, Valeria
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE H, COMPOSITIONS INVOLVED IN THE CELL CYCLE AND METHODS
;  FILE REFERENCE: A-68292-1/RMS/DHR
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/696,668
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-23
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 11
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 1100
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-696-668-3

  Query Match             100.0%;  Score 5585;  DB 2;  Length 1100;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1065;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
```

```
Qy         961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy        1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065


RESULT 3
US-09-843-159B-3
; Sequence 3, Application US/09843159B
; Patent No. 6887675
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Yin
;  APPLICANT:  Chan, Evan
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods
;  FILE REFERENCE: A-68292-2/RMS/DHR
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/843,159B
;  CURRENT FILING DATE:  2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 17
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 1100
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-843-159B-3

  Query Match            100.0%;  Score 5585;  DB 2;  Length 1100;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1065;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy           1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy          61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy         121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy         181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy         241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy         301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy         361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy         421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy         481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db         481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy         541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy         601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy         661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy         721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy         781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy         841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy         901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy         961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy        1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065


RESULT 4
US-09-972-115A-6
; Sequence 6, Application US/09972115A
; Patent No. 6599728
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:  Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 6
;   LENGTH: 1166
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-972-115A-6

  Query Match            99.9%;  Score 5582;  DB 2;  Length 1166;
  Best Local Similarity  99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1064;  Conservative    1;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy           1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
               ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          67 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 126

Qy          61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        127 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 186

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        187 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 246

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        247 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 306

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        307 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 366

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        367 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 426

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        427 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 486

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        487 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 546

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        547 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 606

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        607 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 666

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        667 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 726

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        727 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 786

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        787 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 846

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        847 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 906

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        907 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 966

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        967 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1026

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1027 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1086

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1087 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1131
```

RESULT 5
US-09-696-668-4
; Sequence 4, Application US/09696668
; Patent No. 6617102
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Luo, Ying
; APPLICANT: Chan, Eva
; APPLICANT: Xu, Xiang
; APPLICANT: Huang, Betty
; APPLICANT: Ossovskaya, Valeria
; TITLE OF INVENTION: TANKYRASE H, COMPOSITIONS INVOLVED IN THE CELL CYCLE AND METHODS
; FILE REFERENCE: A-68292-1/RMS/DHR
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/696,668
; CURRENT FILING DATE: 2002-07-23
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
; PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 11
; SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 4
; LENGTH: 1240
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Homo sapiens
US-09-696-668-4

```
  Query Match             99.9%;  Score 5582;  DB 2;  Length 1240;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1064;  Conservative    1;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        141 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 200

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        201 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 260

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        261 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 320

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        321 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 380

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        381 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 440

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        441 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 500

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        501 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 560

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        561 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 620

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        621 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 680

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        681 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 740

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        741 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 800

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        801 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 860

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        861 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 920

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        921 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 980

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        981 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 1040

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1041 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1100

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1101 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1160

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1161 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1205


RESULT 6
US-09-843-159B-4
; Sequence 4, Application US/09843159B
; Patent No. 6887675
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Yin
;  APPLICANT:  Chan, Evan
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods
;  FILE REFERENCE: A-68292-2/RMS/DHR
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/843,159B
;  CURRENT FILING DATE:  2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 17
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 4
;   LENGTH: 1240
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-843-159B-4

  Query Match             99.9%;  Score 5582;  DB 2;  Length 1240;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1064;  Conservative    1;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        141 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 200

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        201 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 260

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        261 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 320

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        321 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 380

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        381 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 440

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        441 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 500

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        501 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 560

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        561 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 620

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        621 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 680

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        681 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 740

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        741 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 800

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        801 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 860

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        861 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 920

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        921 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 980

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        981 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 1040

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1041 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1100

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1101 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1160

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1161 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1205


RESULT 7
US-09-843-159B-9
; Sequence 9, Application US/09843159B
; Patent No. 6887675
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Yin
;  APPLICANT:  Chan, Evan
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods
;  FILE REFERENCE: A-68292-2/RMS/DHR
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/843,159B
;  CURRENT FILING DATE:  2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 17
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 9
;   LENGTH: 1100
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Artificial sequence
;   FEATURE:
;   OTHER INFORMATION: synthetic mutant
US-09-843-159B-9

  Query Match             99.9%;  Score 5579;  DB 2;  Length 1100;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1064;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Db        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYLAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065

RESULT 8
US-09-427-154-2
; Sequence 2, Application US/09427154
; Patent No. 6589725
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT:  Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  TITLE OF INVENTION:  TANKYRASE H, COMPOSTIONS INVOLVED IN THE CELL CYCLE AND
;  TITLE OF INVENTION:  METHODS OF USE
;  FILE REFERENCE:  A-68292-DJB/RMS/DAV
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/427,154
;  CURRENT FILING DATE:  1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS:  9
;  SOFTWARE:  PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 2
;   LENGTH: 1100
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-427-154-2

  Query Match             99.2%;  Score 5542.5;  DB 2;  Length 1100;
  Best Local Similarity   99.4%;  Pred. No. 0;
  Matches 1059;  Conservative    2;  Mismatches    3;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTILNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
```

```
                |||||||||||||||||||||||||||||||||  |||||||||||||||||||||||||
Db          541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIHYLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy          601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy          661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy          721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy          781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
                |||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          781 SFSELSSLVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy          841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy          901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy          961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy         1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1021 -SCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1064

RESULT 9
US-09-350-982C-5
; Sequence 5, Application US/09350982C
; ~~Patent No. 6455290~~
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT:  Berthelsen, Jens
;  APPLICANT:  Toma, Salvatore
;  APPLICANT:  Isacchi, Antonella
;  TITLE OF INVENTION:   Tankyrase Homolog Protein(THP), Nucleic Acids, and Methods Rela
;  TITLE OF INVENTION:  Same
;  FILE REFERENCE:   PHRM-0043
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/350,982C
;  CURRENT FILING DATE:  1999-07-09
;  NUMBER OF SEQ ID NOS:   10
;  SOFTWARE:   PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO 5
;   LENGTH: 1166
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Artificial
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: misc_feature
;   OTHER INFORMATION: Xaa is any amino acid
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1102)..(1102)
;   OTHER INFORMATION: n is any nucleic acid
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2650)..(2650)
;   OTHER INFORMATION: n is any nucleic acid
US-09-350-982C-5

  Query Match             99.1%;  Score 5533;  DB 2;  Length 1166;
  Best Local Similarity   99.2%;  Pred. No. 0;
  Matches 1056;  Conservative    1;  Mismatches    8;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy            1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
                ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           67 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 126
```

```
Qy           61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          127 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 186

Qy          121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          187 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 246

Qy          181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          247 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 306

Qy          241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          307 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 366

Qy          301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
                | ||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||| |||||||||||
Db          367 AXHCAAASPYPKRKQICELLLRKGAXINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDXVEVVVKHEAKV 426

Qy          361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          427 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 486

Qy          421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          487 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 546

Qy          481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
                |||||||||||  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          547 QHGADVHAKDKXXLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 606

Qy          541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Db          607 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKSCLARVKKLSS 666

Qy          601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          667 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 726

Qy          661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Db          727 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALXLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 786

Qy          721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          787 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 846

Qy          781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Db          847 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRXLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 906

Qy          841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          907 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 966

Qy          901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          967 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1026

Qy          961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1027 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1086

Qy         1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1087 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1131

RESULT 10
US-09-849-602-26
; Sequence 26, Application US/09849602
; Patent No. 6794501
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Scanlan, Matthew J.
;  APPLICANT:  Old, Lloyd J.
;  APPLICANT:  Stockert, Elisabeth
;  APPLICANT:  Chen, Yao-Tseng
;  TITLE OF INVENTION: Colon Cancer Antigen Panel
;  FILE REFERENCE: L0461/7105(JRV)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/849,602
;  CURRENT FILING DATE:  2001-05-04
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 30
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO 26
;   LENGTH: 1227
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-849-602-26

  Query Match             96.0%;  Score 5363.5;  DB 2;  Length 1227;
  Best Local Similarity   97.1%;  Pred. No. 0;
  Matches 1035;  Conservative    3;  Mismatches   25;  Indels    3;  Gaps    2;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        129 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 188

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        189 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 248

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        249 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 308

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        309 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 368

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        369 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 428

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        429 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 488

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        489 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 548

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        549 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 608

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        609 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 668

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        669 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 728

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        729 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 788

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        789 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 848

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        849 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 908

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        909 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 968

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        969 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 1028

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1029 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1088

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHK- 1019
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||    | 
Db       1089 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGVQFTKT 1148

Qy       1020 DRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |   :     ||     ||| |      :   ||||||||||||||
Db       1149 DLVTFATAAALL--PGNLGKVFPAVQCNENGTSPPGHHSVTGRPSV 1192

RESULT 11
US-09-196-387-2
; Sequence 2, Application US/09196387
; Patent No. 6277613
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  de Lange, Titia
;    APPLICANT:  Smith, Susan
;    TITLE OF INVENTION:  A PROTEIN THAT BINDS TO TRF1 AND METHODS
;    TITLE OF INVENTION:  OF USE THEREOF
;    NUMBER OF SEQUENCES:  12
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Klauber & Jackson
;      STREET:  411 Hackensack Avenue, 4th Floor
;      CITY:  Hackensack
;      STATE:  New Jersey
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  07601
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/09/196,387
;      FILING DATE:
;      CLASSIFICATION:
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  09/095,225
;      FILING DATE:  June 10, 1998
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Jackson Esq., David A.
;      REGISTRATION NUMBER:  26,742
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  600-1-230 CIP1
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  201-487-5800
;      TELEFAX:  201-343-1684
;      TELEX:  133521
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  2:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  1327 amino acids
;      TYPE:  amino acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  protein
;    HYPOTHETICAL:  NO
US-09-196-387-2

  Query Match             84.9%;  Score 4740.5;  DB 2;  Length 1327;
  Best Local Similarity   82.7%;  Pred. No. 0;
  Matches  882;  Conservative   97;  Mismatches   79;  Indels    9;  Gaps    2;
```

```
Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              |||||||||:||| ||:| ||||||||||||||||||||||:|||  |||||||||||||
Db        225 GFGRKDVVEHLLQMGANVHARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVSLLLCQGADPNARDNWNYT 284

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||:| ||||||::||||||||||||||||||||||||:||
Db        285 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGADPNIRNTDGKSALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLEAAR 344

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||| ||
Db        345 SGNEEKLMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQHGADVHAKDKGGLV 404

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              |||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||:
Db        405 PLHNACSYGHYEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSHGADPTLV 464

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||| |||:|:||||:|:||| ||||||||||||||||: ::|| |:||::||| ||:|||
Db        465 NCHGKSAVDMAPTPELRERLTYEFKGHSLLQAAREADLAKVKKTLALEIINFKQPQSHET 524

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||| || :|||||: |||||||||:||| |:|:||||||:|:|||||:||: || ||:
Db        525 ALHCAVASLHPKRKQVTELLLRKGANVNEKNKDFMTPLHVAAERAHNDVMEVLHKHGAKM 584

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              |||| ||||:|||||  ||||||||||||| ||:||||||||| ||||| |||:| |
Db        585 NALDTLGQTALHRAALAGHLQTCRLLLSYGSDPSIISLQGFTAAQMGNEAVQQILSESTP 644

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              :  |: | :||||:||||:||||:||: |:|||||:||| ||||||||||||||||||||
Db        645 IRTSDVDYRLLEASKAGDLETVKQLCSSQNVNCRDLEGRHSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 704

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||:||| ||||||||||||||||||||||
Db        705 HHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 764

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||:||||||||||||||||||||:|||||||||:|||||||||||||||||:|| :
Db        765 ICKLLLKHGADPTKKNRDGNTPLDLVKEGDTDIQDLLKGDAALLDAAKKGCLARVQKLCT 824

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              |:|:||||||||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||
Db        825 PENINCRDTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 884

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              :|||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||| :
Db        885 IAALLIKYNTCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTMKNQEGQTPLDLAT 944

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              |||: |||  |||| |||:|:|||           : :| |  |:|| ||||||:|||:|
Db        945 ADDIRALLIDAMPPEALPTCFKPQAT-------VVSASLISPASTPSCLSAASSIDNLTG 997

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKK--EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVL 838
                :||:   :|:  :||:  |:|  || |:| :|:||:::|||||| |||| ||||||||
Db        998 PLAELAVGGASNAGDGAAGTERKEGEVAGLDMNISQFLKSLGLEHLRDIFETEQITLDVL 1057

Qy        839 VEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKE 898
               :|||:|||||||||||||||||||||||: |||| ||||| :    ||||:||:|:|||
Db       1058 ADMGHEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQGTNPYLTFHCVNQGTILLDLAPEDKE 1117

Qy        899 FQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHA 958
              :||||||||||:|||||||:|||||||||:::|||| |||| || :| ||:||||||||||
Db       1118 YQSVEEEMQSTIREHRDGGNAGGIFNRYNVIRIQKVVNKKLRERFCHRQKEVSEENHNHH 1177

Qy        959 NERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVH 1018
              |||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Db       1178 NERMLFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPTH 1237

Qy       1019 KDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||:||||||||||||||| |||||:||||||| |||||
Db       1238 KDRSCYICHRQMLFCRVTLGKSFLQFSTMKMAHAPPGHHSVIGRPSV 1284
```

```
RESULT 12
US-09-841-835-2
; Sequence 2, Application US/09841835
; Patent No. 6506587
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  de Lange, Titia
;    APPLICANT:  Smith, Susan
;    TITLE OF INVENTION:  A PROTEIN THAT BINDS TO TRF1 AND METHODS
;    TITLE OF INVENTION:  OF USE THEREOF
;    NUMBER OF SEQUENCES:  12
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Klauber & Jackson
;      STREET:  411 Hackensack Avenue, 4th Floor
;      CITY:  Hackensack
;      STATE:  New Jersey
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  07601
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/09/841,835
;      FILING DATE:
;      CLASSIFICATION:
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  09/196,387
;      FILING DATE:
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Jackson Esq., David A.
;      REGISTRATION NUMBER:  26,742
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  600-1-230 CIP1
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  201-487-5800
;      TELEFAX:  201-343-1684
;      TELEX:  133521
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  2:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  1327 amino acids
;      TYPE:  amino acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  protein
;    HYPOTHETICAL:  NO
US-09-841-835-2

  Query Match             84.9%;  Score 4740.5;  DB 2;  Length 1327;
  Best Local Similarity   82.7%;  Pred. No. 0;
  Matches  882;  Conservative   97;  Mismatches   79;  Indels    9;  Gaps    2;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              |||||||||:||| ||:| ||||||||||||||||||||||:|||  |||||||||||||
Db        225 GFGRKDVVEHLLQMGANVHARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVSLLLCQGADPNARDNWNYT 284

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||:| ||||||::||||||||||||||||||||||||:||
Db        285 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGADPNIRNTDGKSALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLEAAR 344

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||| ||
Db        345 SGNEEKLMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQHGADVHAKDKGGLV 404

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              |||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||:
Db        405 PLHNACSYGHYEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSHGADPTLV 464

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||| |||:|:||||:|:||| ||||||||||||||||: ::|| |:||::||| ||:|||
Db        465 NCHGKSAVDMAPTPELRERLTYEFKGHSLLQAAREADLAKVKKTLALEIINFKQPQSHET 524

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||| || :|||||: |||||||||:||| |:|:||||||:|:|||||:||: || ||:
```

```
Db          525 ALHCAVASLHPKRKQVTELLLRKGANVNEKNKDFMTPLHVAAERAHNDVMEVLHKHGAKM 584

Qy          361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
                |||| ||||:|||||  ||||||||||||| ||:||||||||| ||||| |||:| |
Db          585 NALDTLGQTALHRAALAGHLQTCRLLLSYGSDPSIISLQGFTAAQMGNEAVQQILSESTP 644

Qy          421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
                :  |: | :||||:||||:||||:||: |:|||||:||| ||||||||||||||||||||
Db          645 IRTSDVDYRLLEASKAGDLETVKQLCSSQNVNCRDLEGRHSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 704

Qy          481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||:||| ||||||||||||||||||||||
Db          705 HHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 764

Qy          541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
                ||||||:||||||||||||||||||||:|||||||||:|||||||||||||||||:|| :
Db          765 ICKLLLKHGADPTKKNRDGNTPLDLVKEGDTDIQDLLKGDAALLDAAKKGCLARVQKLCT 824

Qy          601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
                |:|:||||||||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||
Db          825 PENINCRDTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 884

Qy          661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
                :|||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||| :
Db          885 IAALLIKYNTCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTMKNQEGQTPLDLAT 944

Qy          721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
                |||: |||  |||| |||:|:|||           : :| |  |:|| ||||||:|||:|
Db          945 ADDIRALLIDAMPPEALPTCFKPQAT-------VVSASLISPASTPSCLSAASSIDNLTG 997

Qy          781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKK--EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVL 838
                  :||:   :|:  :||:  |:|  || |:| :|:||:::|||||| |||| ||||||||
Db          998 PLAELAVGGASNAGDGAAGTERKEGEVAGLDMNISQFLKSLGLEHLRDIFETEQITLDVL 1057

Qy          839 VEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKE 898
                 :|||:|||||||||||||||||||||||: |||| ||||| :    ||||:||:|:|||
Db         1058 ADMGHEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQGTNPYLTFHCVNQGTILLDLAPEDKE 1117

Qy          899 FQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHA 958
                :||||||||||:|||||||:|||||||||:::|||| |||| ||: ||:||||||||||
Db         1118 YQSVEEEMQSTIREHRDGGNAGGIFNRYNVIRIQKVVNKKLRERFCHRQKEVSEENHNHH 1177

Qy          959 NERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVH 1018
                |||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Db         1178 NERMLFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPTH 1237

Qy         1019 KDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
                |||||||||||:||||||||||||||| |||||:||||||| |||||
Db         1238 KDRSCYICHRQMLFCRVTLGKSFLQFSTMKMAHAPPGHHSVIGRPSV 1284

RESULT 13
US-09-972-115A-8
; Sequence 8, Application US/09972115A
; Patent No. 6599728
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:· Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 8
;   LENGTH: 1327
;   TYPE: PRT
```

```
;  ORGANISM: Homo sapiens
US-09-972-115A-8

  Query Match             84.9%;  Score 4740.5;  DB 2;  Length 1327;
  Best Local Similarity   82.7%;  Pred. No. 0;
  Matches  882;  Conservative   97;  Mismatches   79;  Indels    9;  Gaps    2;

Qy            1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
                |||||||||:||| ||:| ||||||||||||||||||||||:|||  |||||||||||||
Db          225 GFGRKDVVEHLLQMGANVHARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVSLLLCQGADPNARDNWNYT 284

Qy           61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
                ||||||||||||||||||||||:| ||||||::||||||||||||||||||||||||:||
Db          285 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGADPNIRNTDGKSALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLEAAR 344

Qy          121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
                ||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||| ||
Db          345 SGNEEKLMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQHGADVHAKDKGGLV 404

Qy          181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
                |||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||:
Db          405 PLHNACSYGHYEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSHGADPTLV 464

Qy          241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
                ||| |||:|:||||:|:||| ||||||||||||||||: ::|| |:||::||| ||:|||
Db          465 NCHGKSAVDMAPTPELRERLTYEFKGHSLLQAAREADLAKVKKTLALEIINFKQPQSHET 524

Qy          301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
                ||||| || :|||||: |||||||||:||| |:|:||||||:|:|||||:||: || ||:
Db          525 ALHCAVASLHPKRKQVTELLLRKGANVNEKNKDFMTPLHVAAERAHNDVMEVLHKHGAKM 584

Qy          361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
                |||| ||||:|||||  ||||||||||||| ||:||||||||| ||||| |||:| |
Db          585 NALDTLGQTALHRAALAGHLQTCRLLLSYGSDPSIISLQGFTAAQMGNEAVQQILSESTP 644

Qy          421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
                :  |: | :||||:||||:||||:||: |:|||||:||| ||||||||||||||||||||
Db          645 IRTSDVDYRLLEASKAGDLETVKQLCSSQNVNCRDLEGRHSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 704

Qy          481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||:||| ||||||||||||||||||||||
Db          705 HHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 764

Qy          541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
                ||||||:||||||||||||||||||||:|||||||||:|||||||||||||||||:|| :
Db          765 ICKLLLKHGADPTKKNRDGNTPLDLVKEGDTDIQDLLKGDAALLDAAKKGCLARVQKLCT 824

Qy          601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
                |:|:||||||||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||
Db          825 PENINCRDTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 884

Qy          661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
                :|||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||| :
Db          885 IAALLIKYNTCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTMKNQEGQTPLDLAT 944

Qy          721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
                |||: |||  |||| |||:|:|||           : :| |  |:|| ||||||:|||:|
Db          945 ADDIRALLIDAMPPEALPTCFKPQAT-------VVSASLISPASTPSCLSAASSIDNLTG 997

Qy          781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKK--EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVL 838
                  :||:   :|:  :||:  |:|  || |:| :|:||:::|||||| |||| ||||||||
Db          998 PLAELAVGGASNAGDGAAGTERKEGEVAGLDMNISQFLKSLGLEHLRDIFETEQITLDVL 1057

Qy          839 VEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKE 898
                 :|||:|||||||||||||||||||||||: |||| ||||| :    ||||:||:|:|||
Db         1058 ADMGHEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQGTNPYLTFHCVNQGTILLDLAPEDKE 1117

Qy          899 FQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHA 958
                :||||||||||:|||||||:|||||||||:::|||| |||| ||: ||:||||||||||
Db         1118 YQSVEEEMQSTIREHRDGGNAGGIFNRYNVIRIQKVVNKKLRERFCHRQKEVSEENHNHH 1177

Qy          959 NERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVH 1018
                |||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Db        1178 NERMLFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPTH 1237

Qy        1019 KDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
               |||||||||||:||||||||||||||| |||||:||||||| |||||
Db        1238 KDRSCYICHRQMLFCRVTLGKSFLQFSTMKMAHAPPGHHSVIGRPSV 1284


RESULT 14
US-09-972-115A-2
; Sequence 2, Application US/09972115A
; Patent No. 6599728
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:  Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 2
;   LENGTH: 1333
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1)..(1)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 1 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon, T
;   OTHER INFORMATION: yr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2)..(2)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 2 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon, T
;   OTHER INFORMATION: yr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (3)..(3)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 3 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon, T
;   OTHER INFORMATION: yr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (4)..(4)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 4 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon, T
;   OTHER INFORMATION: yr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (5)..(5)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 5 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon, T
;   OTHER INFORMATION: yr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (6)..(6)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 6 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon, T
;   OTHER INFORMATION: yr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (7)..(7)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 7 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon, T
;   OTHER INFORMATION: yr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (8)..(8)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 8 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon, T
;   OTHER INFORMATION: yr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (9)..(9)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 9 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon, T
;   OTHER INFORMATION: yr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (10)..(10)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 10 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (11)..(11)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 11 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (12)..(12)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 12 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (13)..(13)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 13 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (14)..(14)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 14 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (15)..(15)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 15 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (16)..(16)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 16 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (17)..(17)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 17 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (18)..(18)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 18 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (19)..(19)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 19 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (20)..(20)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 20 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (21)..(21)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 21 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (22)..(22)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 22 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (23)..(23)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 23 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (24)..(24)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 24 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (25)..(25)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 25 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (26)..(26)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 26 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (27)..(27)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 27 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (28)..(28)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 28 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (29)..(29)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 29 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (30)..(30)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 30 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (31)..(31)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 31 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (32)..(32)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 32 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (33)..(33)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 33 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (34)..(34)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 34 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (35)..(35)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 35 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (36)..(36)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 36 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,

  Query Match             84.9%;  Score 4739.5;  DB 2;  Length 1333;
  Best Local Similarity   86.3%;  Pred. No. 0;
  Matches  927;  Conservative    7;  Mismatches  131;  Indels    9;  Gaps    2;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              |||||:  :|||||||: |   :||||||| |||||||: :|||||||||||||||||||
Db        225 GFGRKNXXKYLLQNGANXQXLYNGGLIPLHXACSFGHAKXINLLLRHGADPNARDNWNYT 284

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        285 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 344

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        345 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 404

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        405 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 464

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        465 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 524

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        525 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 584

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        585 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 644

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        645 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 704

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        705 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACXYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 764

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||| ||||||| ||||| ||||| |||||||||||||||
Db        765 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTLLDLVKDGXTDIQDXLRGDAVLLDAAKKGCLARVKKXXF 824

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLA--AGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGH 658
              ||||||||||||||||||||
Db        825 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAGXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX 884

Qy        659 VDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL 718

Db        885 XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX 944

Qy        719 VSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNL 778
                        ||||||| |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        945 XXXXXXXXXXTAAMPPSVLPSCNKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNL 1004

Qy        779 SGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVL 838
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db       1005 SGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFXREQITLDVL 1064

Qy        839 VEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKE 898
              ||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1065 VEMGHKELKEIXINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKE 1124

Qy        899 FQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNK-------KLWERYTHRRKEVS 951
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||        :  |||||||||||
Db       1125 FQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNXXXXXAKIRHEERYTHRRKEVS 1184

Qy        952 EENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGG 1011
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1185 EENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGG 1244

Qy       1012 GTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1245 GTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1298

RESULT 15
US-09-972-115A-4
; Sequence 4, Application US/09972115A
; Patent No. 6599728
; GENERAL INFORMATION:
```

```
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:  Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 4
;   LENGTH: 1267
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1)..(1)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 1 stands for Thr, Ala, Pro, or Ser.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (42)..(42)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 42 stands for Lys, Arg, Thr, or Met.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (98)..(98)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 98 stands for Lys, Arg, Thr, or Met.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (110)..(110)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 110 stands for Thr, Ala, Pro, or Ser.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (114)..(114)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 114 stands for Asn, Ser, Thr, or Ile.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (126)..(126)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 126 stands for Lys, or Asn.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (139)..(139)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 139 stands for Ile, Val, Leu, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (144)..(144)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 144 stands for Thr.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (153)..(153)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 153 stands for Thr.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (166)..(166)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 166 stands for Ser, Gly, Arg, or Cys.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (173)..(173)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 173 stands for Ile, Val, Leu, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (174)..(174)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 174 stands for Glu, or Lys.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (183)..(183)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 183 stands for Val.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (185)..(185)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 185 stands for Thr, Ala, Pro, or Ser.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (188)..(188)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 188 stands for Asn, Asp, His, or Tyr.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (202)..(202)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 202 stands for His, or Pro.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (204)..(204)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 204 stands for Glu, or Lys.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (205)..(205)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 205 stands for Asn, Ser, Thr, or Ile.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (207)..(207)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 207 stands for Asn, Asp, His, or Tyr.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (211)..(211)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 211 stands for Gln, Arg, Pro, or Leu.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (213)..(213)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 213 stands for Ser, Gly, Arg, or Cys.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (215)..(215)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 215 stands for Lys, Asn, Glu, Asp, Gln, His
;   OTHER INFORMATION: , a stop codon, or Tyr.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (227)..(227)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 227 stands for His, Arg, Pro, or Leu.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (228)..(228)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 228 stands for Asn, Asp, His, or Tyr.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (237)..(237)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 237 stands for Glu, or Asp.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (238)..(238)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 238 stands for Asn, Ser, Thr, Ile, Asp, Gly
;   OTHER INFORMATION: , Ala, Val, His, Arg, Pro, Leu, Tyr, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (667)..(667)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 667 stands for Tyr, Cys, Ser, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (725)..(725)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 725 stands for Lys, or Asn.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (727)..(727)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 727 stands for His, Arg, Pro, or Leu.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (735)..(735)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 735 stands for Glu, or Asp.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (741)..(741)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 741 stands for Met, Val, or Leu.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (763)..(763)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 763 stands for Leu, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (764)..(764)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 764 stands for Tyr, Cys, Ser, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (787)..(787)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 787 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (788)..(788)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 788 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (789)..(789)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 789 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (790)..(790)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 790 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (791)..(791)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 791 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (792)..(792)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 792 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (793)..(793)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 793 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (794)..(794)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 794 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (795)..(795)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 795 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (796)..(796)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 796 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (797)..(797)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 797 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (798)..(798)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 798 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (799)..(799)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 799 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (800)..(800)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 800 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (801)..(801)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 801 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (802)..(802)

  Query Match             83.5%;  Score 4663;  DB 2;  Length 1267;
  Best Local Similarity   85.7%;  Pred. No. 0;
  Matches  914;  Conservative    6;  Mismatches  143;  Indels    4;  Gaps    2;

Qy       2 FGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTP 61
           |||||:  ||| |||: | || ||||||||||||| |  : ||| | | |||||||||||
Db     167 FGRKDLXXYLLTNGANXQXRDXGGLIPLHNACSFGXAXXIXLLLXHXAXPNARDNWNYTP 226

Qy      62 LHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARS 121
             ||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     227 XXEAAIKGKIXXCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARS 286

Qy     122 GNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVP 181
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     287 GNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVP 346

Qy     182 LHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLN 241
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     347 LHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLN 406

Qy     242 CHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETA 301
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     407 CHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETA 466

Qy     302 LHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVN 361
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     467 LHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVN 526

Qy     362 ALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISL 421
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     527 ALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISL 586

Qy     422 GNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQ 481
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     587 GNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQ 646

Qy     482 HGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEI 541
           |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     647 HGADVHAKDKGGLVPLHNACXYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEI 706

Qy     542 CKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSP 601
           |||||||||||||| : |   ||||||| ||||| ||||| |||||||||||||||   |
Db     707 CKLLLQHGADPTKKKKKGXIXLDLVKDGXTDIQDXLRGDAVLLDAAKKGCLARVKKXXFP 766

Qy     602 DNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDV 661
           |||||||||||||||||| ||
Db     767 DNVNCRDTQGRHSTPLHL-AGXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX 825

Qy     662 AALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSA 721

Db     826 XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX 885

Qy     722 DDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGS 781
                  ||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     886 XXXXXXXTAAMPPSVLPSCNKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGS 945

Qy     782 FSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEM 841
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Db     946 FSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFXREQITLDVLVEM 1005

Qy     842 GHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQS 901
           |||||||| ||||||||||||  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1006 GHKELKEIXINAYGHRHKLIKSFERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQS 1065

Qy     902 VEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNK---KLWERYTHRRKEVSEENHNHA 958
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||:   :  ||||||||||||||||||
Db    1066 VEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNRAKIRHEERYTHRRKEVSEENHNHA 1125

Qy     959 NERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVH 1018
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1126 NERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVH 1185

Qy    1019 KDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1186 KDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1232

Search completed: December 18, 2006, 17:37:18
Job time : 39.577 secs
```

```
                    GenCore version 5.1.9
             Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.


OM protein - protein search, using sw model

Run on:          December 18, 2006, 17:27:10 ; Search time 32.8048 Seconds
                                                (without alignments)
                                               3123.657 Million cell updates/sec

Title:           US-10-616-101-3
Perfect score:   5585
Sequence:        1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQA..........AMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065

Scoring table: , BLOSUM62
                 Gapop 10.0 , Gapext 0.5

Searched:        283416 seqs, 96216763 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      283416

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                  Maximum Match 100%
                  Listing first 45 summaries

Database :        PIR_80:*
                  1:  pir1:*
                  2:  pir2:*
                  3:  pir3:*
                  4:  pir4:*

       Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
       score greater than or equal to the score of the result being printed,
       and is derived by analysis of the total score distribution.

                                 SUMMARIES
                  %
Result          Query
   No.   Score  Match Length DB  ID                            Description
 -------------------------------------------------------------------------------
     1   877.5   15.7   1765  2  T42714                        ankyrin 3, splice
     2   877.5   15.7   1961  2  T42716                        ankyrin 3, splice
     3   875.5   15.7   4377  2  A55575                        ankyrin 3, long sp
     4   873.5   15.6   1943  2  T42713                        ankyrin 3, splice
     5   871.5   15.6   1940  2  T42715                        ankyrin 3, splice
     6   860.5   15.4   3924  2  S37431                        ankyrin 2, neurona
     7     844   15.1   1856  2  B35049                        ankyrin 1, erythro
     8     844   15.1   1880  2  A35049                        ankyrin 1, erythro
     9     842   15.1   1881  1  SJHUK                         ankyrin 1, erythro
    10   839.5   15.0   1848  2  S37771                        ankyrin, erythrocy
    11   837.5   15.0   1862  2  I49502                        ankyrin - mouse
    12     834   14.9   1549  2  T13940                        ankyrin - fruit fl
    13   814.5   14.6   2039  2  T15347                        ankyrin-related un
    14     628   11.2    791  2  T42691                        hypothetical prote
    15   545.5    9.8   1411  2  S30355                        alpha-latroinsecto
    16     514    9.2    934  1  H71274                        probable ankyrin -
    17   496.5    8.9   1062  2  T30255                        inversin - mouse
    18   491.5    8.8   1062  2  T14151                        Inv protein - mous
    19   464.5    8.3   1401  2  S11527                        alpha-latrotoxin p
    20   456.5    8.2   1188  2  T19552                        hypothetical prote
    21     451    8.1   1058  2  D82654                        ankyrin-like prote
    22   431.5    7.7    426  2  AE2149                        hypothetical prote
    23     426    7.6    991  2  T25412                        hypothetical prote
    24   405.5    7.3   1184  2  T00253                        gene Ankhzn protei
    25     388    6.9    397  2  T46445                        hypothetical prote
    26   372.5    6.7   2584  2  T24158                        hypothetical prote
    27   372.5    6.7   2606  2  T24157                        hypothetical prote
    28   363.5    6.5   1031  2  T43458                        hypothetical prote
    29     350    6.3    557  2  T46507                        hypothetical prote
    30   348.5    6.2    606  2  AC2508                        hypothetical prote
    31     345    6.2   1423  1  I37275                        death-associated p
    32   336.5    6.0   1107  2  T21280                        hypothetical prote
    33     321    5.7   1398  2  T21884                        hypothetical prote
    34     310    5.6   1435  2  T32930                        hypothetical prote
    35     306    5.5   1322  2  A59288                        myosin heavy chain
    36     305    5.5    679  2  B45771                        2-5A-dependent RNA
    37   300.5    5.4   1016  2  T19006                        ankyrin related pr
    38   299.5    5.4    633  2  T27499                        hypothetical prote
    39     299    5.4    247  2  D84448                        probable ankyrin [
    40   294.5    5.3    900  2  A42024                        transcription fact
    41     290    5.2   1004  2  A55142                        myosin-light-chain
    42   287.5    5.1    656  2  A34793                        sex-determining pr
    43     287    5.1   1295  2  T21720                        hypothetical prote
    44     285    5.1   1083  2  S48460                        probable membrane
    45     284    5.1    237  2  T50984                        related to 26s pro


                                 ALIGNMENTS


RESULT 1
T42714
ankyrin 3, splice form 2 - mouse
C;Species: Mus musculus (house mouse)
C;Date: 11-Jan-2000 #sequence_revision 11-Jan-2000 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: T42714
R;Peters, L.L.; John, K.M.; Lu, F.M.; Eicher, E.M.; Higgins, A.; Yialamas, M.; Turtzo, L.
J. Cell Biol. 130, 313-330, 1995
A;Title: Ank3 (epithelial ankyrin), a widely distributed new member of the ankyrin gene f
the repeat domain.
A;Reference number: Z22237; MUID:95340633; PMID:7615634
A;Accession: T42714
A;Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DDBJ
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-1765 <PET>
A;Cross-references: UNIPROT:Q61307; UNIPARC:UPI0000029AB8; EMBL:L40632; NID:g710548; PID:
A;Experimental source: strain C57BL/6J; kidney
C;Genetics:
A;Gene: Ank3
A;Map position: 10
A;Introns: 1587/1
C;Superfamily: ankyrin; ankyrin repeat homology
C;Keywords: alternative splicing

  Query Match             15.7%;  Score 877.5;  DB 2;  Length 1765;
  Best Local Similarity   30.9%;  Pred. No. 4.1e-46;
  Matches  277;  Conservative  125;  Mismatches  377;  Indels  117;  Gaps   22;

Qy          3 GRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPL 62
              |  :||  |||  |:| |    |   || |   | |||| :|: :||: ||:    :|||
Db         68 GHVEVVSELLQREANVDAATKKGNTALHIASLAGQAEVVKVLVTNGANVNAQSQNGFTPL 127

Qy         63 HEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLA-----DPSAKAVLTGEYK---KDE 114
              : || :  ::|   ||: ||  ::   || | | :|     |     :|  : |   :
Db        128 YMAAQENHLEVVRFLLDNGASQSLATEDGFTPLAVALQQGHDQVVSLLLENDTKGKVRLP 187

Qy        115 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 174
               |  |   :: |  |||   : |         ||||:|| |  : :  |||   | |
Db        188 ALHIAARKDDTKAAALLLQNDTNADVESKSGFTPLHIAAHYGNINVATLLLNRAAAVDFT 247

Qy        175 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 234
               : |: ||| |   |:  : :||:  || ::|      ||||  |     :|  :||
Db        248 ARNDITPLHVASKRGNANMVKLLLDRGAKIDAKTRDGLTPLHCGARSGHEQVVEMLLDRS 307

Qy        235 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 294
              | | |    |                     | | |  | : |      ||:   :  :|
Db        308 A-PILSKTKN---------------------GLSPLHMATQGD------HLNCVQLLLQH 339

Qy        295 -------PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHN 347
                        : |||| ||   : |   : ::|| | |: | |     ||||:| :|
Db        340 NVPVDDVTNDYLTALHVAAHCGHYK---VAKVLLDKKASPNAKALNGFTPLHIACKKNRI 396
```

```
Qy        348 DVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMG 407
               |:|:::|| | : |:   | | :| |:  ||:     |: :|  ||  :::| ||| |
Db        397 RVMELLLKHGASIQAVTESGLTPIHVAAFMGHVNIVSQLMHHGASPNTTNVRGETALHMA 456

Qy        408 -----NENVQQLLQEGISLGNSEADRQ--LLEAAKAGDVETVKKLCTV-QSVNCRDIEGR 459
                    | |: |:|:|  :     | |  |  :|: |  : |::|     | |     |
Db        457 ARSGQAEVVRYLVQDGAQVEAKAKDDQTPLHISARLGKADIVQQLLQQGASPNAATTSG- 515

Qy        460 QSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVV 519
                |||| ||      |  :|| ||| :    | |  ||| |  ||  ||| ||::  |
Db        516 -YTPLHLAAREGHEDVAAFLLDHGASLSITTKKGFTPLHVAAKYGKLEVASLLLQKSASP 574

Qy        520 NVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDL-VKDGDTDIQDLL- 577
              : |     |||| ||     ::  |||  || |    ::| ||| :  |    ||   |
Db        575 DAAGKSGLTPLHVAAHYDNQKVALLLLDQGASPHAAAKNGYTPLHIAAKKNQMDIATSLL 634

Qy        578 -----------RGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPD-NVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNN 625
                         :| |::  ||::| :  |  | | : |||  :  |   |||||||  :
Db        635 EYGADANAVTRQGIASVHLAAQEGHVDMVSLLLSRNANVNLSNKSG--LTPLHLAAQEDR 692

Qy        626 LEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHE 685
              : ||| |:  || |:|| | |  |||    ||:: :   |::::| |||  |  :| ||:
Db        693 VNVAEVLVNQGAHVDAQTKMGYTPLHVGCHYGNIKIVNFLLQHSAKVNAKTKNGYTALHQ 752

Qy        686 AAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS-------ADDVSALLTAAMPPSALP 738
              |||:| | :  :|| : | |      | | | :          | :  :    |  : :
Db        753 AAQQGHTHIINVLLQNNASPNELTVNGNTALAIARRLGYISVVDTLKVVTEEIMTTTTIT 812

Qy        739 SCYK---PQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLS-GSFSELSSVVSSSGT 794
                :|   |: :| |               |   :  ||: : || | :        | |
Db        813 EKHKMNVPETMNEVLD-----------MSDDEVRKASAPEKLSDGEY-------ISDGE 853

Qy        795 EGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIG 850
              ||      | :| |   : :                : || |    :| ::|||:|
Db        854 EGDKCTWFK-IPKVQEVLVK--------------SEDAITGDTDKYLGPQDLKELG 894


RESULT 2
T42716
ankyrin 3, splice form 4 - mouse
C;Species: Mus musculus (house mouse)
C;Date: 11-Jan-2000 #sequence_revision 11-Jan-2000 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: T42716
R;Peters, L.L.; John, K.M.; Lu, F.M.; Eicher, E.M.; Higgins, A.; Yialamas, M.; Turtzo, I
J. Cell Biol. 130, 313-330, 1995
A;Title: Ank3 (epithelial ankyrin), a widely distributed new member of the ankyrin gene
the repeat domain.
A;Reference number: Z22237; MUID:95340633; PMID:7615634
A;Accession: T42716
A;Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DDBJ
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-1961 <PET>
A;Cross-references: UNIPROT:Q61307; UNIPARC:UPI0000027D39; EMBL:L40632; NID:g710548; PID
A;Experimental source: strain C57BL/6J; kidney
C;Genetics:
A;Gene: Ank3
A;Map position: 10
C;Superfamily: ankyrin; ankyrin repeat homology
C;Keywords: alternative splicing

  Query Match             15.7%;  Score 877.5;  DB 2;  Length 1961;
  Best Local Similarity   30.9%;  Pred. No. 4.9e-46;
  Matches  277;  Conservative  125;  Mismatches  377;  Indels  117;  Gaps   22;

Qy          3 GRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPL 62
              |  :||  |||  |:| |    |   || |   | |||| :|: :||: ||:    :|||
Db         68 GHVEVVSELLQREANVDAATKKGNTALHIASLAGQAEVVKVLVTNGANVNAQSQNGFTPL 127

Qy         63 HEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLA-----DPSAKAVLTGEYK---KDE 114
              : || :  ::|   || :||  ::   || | | :|     |     :|  : |   :
Db        128 YMAAQENHLEVVRFLLDNGASQSLATEDGFTPLAVALQQGHDQVVSLLLENDTKGKVRLP 187

Qy        115 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 174
```

```
               |  |   :: |  |||   : |         ||||:|| |  : :  |||   | |
Db        188 ALHIAARKDDTKAAALLLQNDTNADVESKSGFTPLHIAAHYGNINVATLLLNRAAAVDFT 247

Qy        175 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 234
               : |: ||| |   |:  : :||:  || ::|      ||||  |     :|  :||
Db        248 ARNDITPLHVASKRGNANMVKLLLDRGAKIDAKTRDGLTPLHCGARSGHEQVVEMLLDRS 307

Qy        235 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 294
              | | |    |                     | | |  | : |      ||:   :  :|
Db        308 A-PILSKTKN---------------------GLSPLHMATQGD------HLNCVQLLLQH 339

Qy        295 -------PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHN 347
                        : |||| ||   : |   : ::|| | |: | |     ||||:| :|
Db        340 NVPVDDVTNDYLTALHVAAHCGHYK---VAKVLLDKKASPNAKALNGFTPLHIACKKNRI 396

Qy        348 DVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMG 407
               |:|:::|| | : |:   | | :| |:  ||:     |: :|  ||  :::| ||| |
Db        397 RVMELLLKHGASIQAVTESGLTPIHVAAFMGHVNIVSQLMHHGASPNTTNVRGETALHMA 456

Qy        408 -----NENVQQLLQEGISLGNSEADRQ--LLEAAKAGDVETVKKLCTV-QSVNCRDIEGR 459
                    | |: |:|:|  :     | |  |  :|: |  : |::|     | |     |
Db        457 ARSGQAEVVRYLVQDGAQVEAKAKDDQTPLHISARLGKADIVQQLLQQGASPNAATTSG- 515

Qy        460 QSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVV 519
                |||| ||      |  :|| ||| :    | |  ||| |  ||  ||| ||::  |
Db        516 -YTPLHLAAREGHEDVAAFLLDHGASLSITTKKGFTPLHVAAKYGKLEVASLLLQKSASP 574

Qy        520 NVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDL-VKDGDTDIQDLL- 577
              : |     |||| ||     ::  |||  || |    ::| ||| :  |    ||   |
Db        575 DAAGKSGLTPLHVAAHYDNQKVALLLLDQGASPHAAAKNGYTPLHIAAKKNQMDIATSLL 634

Qy        578 -----------RGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPD-NVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNN 625
                         :| |::  ||::| :  |  | | : |||  :  |   |||||||  :
Db        635 EYGADANAVTRQGIASVHLAAQEGHVDMVSLLLSRNANVNLSNKSG--LTPLHLAAQEDR 692

Qy        626 LEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHE 685
              : ||| |:  || |:|| | |  |||    ||:: :   |::::| |||  |  :| ||:
Db        693 VNVAEVLVNQGAHVDAQTKMGYTPLHVGCHYGNIKIVNFLLQHSAKVNAKTKNGYTALHQ 752

Qy        686 AAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS-------ADDVSALLTAAMPPSALP 738
              |||:| | :  :|| : | |      | | | :          | :  :    |  : :
Db        753 AAQQGHTHIINVLLQNNASPNELTVNGNTALAIARRLGYISVVDTLKVVTEEIMTTTTIT 812

Qy        739 SCYK---PQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLS-GSFSELSSVVSSSGT 794
                :|   |: :| |               |   :  ||: : || | :        | |
Db        813 EKHKMNVPETMNEVLD-----------MSDDEVRKASAPEKLSDGEY-------ISDGE 853

Qy        795 EGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIG 850
              ||      | :| |   : :                : || |    :| ::|||:|
Db        854 EGDKCTWFK-IPKVQEVLVK--------------SEDAITGDTDKYLGPQDLKELG 894


RESULT 3
A55575
ankyrin 3, long splice form - human
N;Alternate names: ankyrin G
C;Species: Homo sapiens (man)
C;Date: 03-Mar-1995 #sequence_revision 03-Mar-1995 #text_change 31-Dec-2004
C;Accession: A55575
R;Kordeli, E.; Lambert, S.; Bennett, V.
J. Biol. Chem. 270, 2352-2359, 1995
A;Title: Ankyrin-G. A new ankyrin gene with neural-specific isoforms localized at the ax
A;Reference number: A55575; MUID:95138209; PMID:7836469
A;Accession: A55575
A;Status: preliminary
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-4377 <KOR>
A;Cross-references: UNIPROT:Q12955; UNIPARC:UPI000013C497; GB:U13616; NID:g608024; PIDN:
C;Genetics:
A;Gene: GDB:ANK3
A;Cross-references: GDB:424503; OMIM:600465
A;Map position: 10q21-10q21
C;Superfamily: EGF homology
```

```
C;Keywords: alternative splicing; peripheral membrane protein
F;73-105/Domain: ankyrin repeat homology <AN01>
F;106-138/Domain: ankyrin repeat homology <AN02>
F;139-171/Domain: ankyrin repeat homology <AN03>
F;172-200/Domain: ankyrin repeat homology <AN04>
F;201-233/Domain: ankyrin repeat homology <AN05>
F;234-266/Domain: ankyrin repeat homology <AN06>
F;267-299/Domain: ankyrin repeat homology <AN07>
F;300-332/Domain: ankyrin repeat homology <AN08>
F;333-365/Domain: ankyrin repeat homology <AN09>
F;366-398/Domain: ankyrin repeat homology <AN10>
F;399-431/Domain: ankyrin repeat homology <AN11>
F;432-464/Domain: ankyrin repeat homology <AN12>
F;465-497/Domain: ankyrin repeat homology <AN13>
F;498-530/Domain: ankyrin repeat homology <AN14>
F;531-563/Domain: ankyrin repeat homology <AN15>
F;564-596/Domain: ankyrin repeat homology <AN16>
F;597-629/Domain: ankyrin repeat homology <AN17>
F;630-662/Domain: ankyrin repeat homology <AN18>
F;663-695/Domain: ankyrin repeat homology <AN19>
F;696-728/Domain: ankyrin repeat homology <AN20>
F;729-761/Domain: ankyrin repeat homology <AN21>
F;762-794/Domain: ankyrin repeat homology <AN22>
F;795-827/Domain: ankyrin repeat homology <AN23>

  Query Match             15.7%;  Score 875.5;  DB 2;  Length 4377;
  Best Local Similarity   30.5%;  Pred. No. 2.3e-45;
  Matches  273;  Conservative  126;  Mismatches  362;  Indels  135;  Gaps   21;

Qy           3 GRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPL 62
               |  :||  |||  |:| |    |   || |   | |||| :|: :||: ||:    :|||
Db          85 GHVEVVSELLQREANVDAATKKGNTALHIASLAGQAEVVKVLVTNGANVNAQSQNGFTPL 144

Qy          63 HEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLA-----DPSAKAVLTGEYK---KDE 114
               : || :  ::|   || :||  ::   || | | :|     |     :|  : |   :
Db         145 YMAAQENHLEVVKFLLDNGASQSLATEDGFTPLAVALQQGHDQVVSLLLENDTKGKVRLP 204

Qy         115 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 174
                |  |   :: |  |||   : |         ||||:|| |  : :  |||   | |
Db         205 ALHIAARKDDTKAAALLLQNDNNADVESKSGFTPLHIAAHYGNINVATLLLNRAAAVDFT 264

Qy         175 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 234
                : |: ||| |   |:  : :||:  || ::|      ||||  |     :|  :||
Db         265 ARNDITPLHVASKRGNANMVKLLLDRGAKIDAKTRDGLTPLHCGARSGHEQVVEMLLDRA 324

Qy         235 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 294
               | | |    |                     | | |  |  : |      ||:   :  :|
Db         325 A-PILSKTKN---------------------GLSPLHMATQGD------HLNCVQLLLQH 356

Qy         295 -------PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHN 347
                         : |||| ||   : |   : ::|| | || | |     ||||:| :|
Db         357 NVPVDDVTNDYLTALHVAAHCGHYK---VAKVLLDKKANPNAKALNGFTPLHIACKKNRI 413

Qy         348 DVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMG 407
                |:|:::|| | :|:   | | :| ||: ||:     |: :|  ||  :::| ||| |
Db         414 KVMELLLKHGASIQAVTESGLTPIHVAAFMGHVNIVSQLMHHGASPNTTNVRGETALHMA 473

Qy         408 -----NENVQQLLQEGISLGNSEADRQ--LLEAAKAGDVETVKKLCTV-QSVNCRDIEGR 459
                     | |: |:|:|  :     | |  | :|: |  : |::|     | |     |
Db         474 ARSGQAEVVRYLVQDGAQVEAKAKDDQTPLHISARLGKADIVQQLLQQGASPNAATTSG- 532

Qy         460 QSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVV 519
                 |||| :|      |  :|| ||| :    | |  ||| |  ||  ||| ||::  |
Db         533 -YTPLHLSAREGHEDVAAFLLDHGASLSITTKKGFTPLHVAAKYGKLEVANLLLQKSASP 591

Qy         520 NVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDL-VKDGDTDIQDLL- 577
               : |     |||| ||     ::  |||  || |    ::| ||| :  |    ||   |
Db         592 DAAGKSGLTPLHVAAHYDNQKVALLLLDQGASPHAAAKNGYTPLHIAAKKNQMDIATTLL 651

Qy         578 -----------RGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPD-NVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNN 625
                          :| |::  ||::| :  |  |   : |||  :  |   |||||||  :
Db         652 EYGADANAVTRQGIASVHLAAQEGHVDMVSLLLGRNANVNLSNKSG--LTPLHLAAQEDR 709
```

```
Qy         626 LEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHE 685
               : ||| |:  || |:|| | |  |||    ||:: :   |::::| |||  |  :||||:
Db         710 VNVAEVLVNQGAHVDAQTKMGYTPLHVGCHYGNIKIVNFLLQHSAKVNAKTKNGYTPLHQ 769

Qy         686 AAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL------VSADDVSALLT-AAMPPSALP 738
               |||:| | :  :|| : | |      | | | :      :|  |   ::|   |  : :
Db         770 AAQQGHTHIINVLLQNNASPNELTVNGNTALGIARRLGYISVVDTLKIVTEETMTTTTVT 829

Qy         739 SCYK---PQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTE 795
                 :|   |: :| |               |   :  |:: : ||
Db         830 EKHKMNVPETMNEVLD------------MSDDEVRKANAPEMLSDG-------------- 863

Qy         796 GASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQ-ITLDVLVEMGHKELKEIG 850
                                         |:: |: | |  :| |    :| ::|||:|
Db         864 --------------------------EYISDVEEGEDAMTGDTDKYLGPQDLKELG 893

RESULT 4
T42713
ankyrin 3, splice form 1 - mouse
C;Species: Mus musculus (house mouse)
C;Date: 11-Jan-2000 #sequence_revision 11-Jan-2000 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: T42713
R;Peters, L.L.; John, K.M.; Lu, F.M.; Eicher, E.M.; Higgins, A.; Yialamas, M.; Turtzo, L.
J. Cell Biol. 130, 313-330, 1995
A;Title: Ank3 (epithelial ankyrin), a widely distributed new member of the ankyrin gene f
the repeat domain.
A;Reference number: Z22237; MUID:95340633; PMID:7615634
A;Accession: T42713
A;Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DDBJ
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-1943 <PET>
A;Cross-references: UNIPROT:Q61307; UNIPARC:UPI0000028367; EMBL:L40632; NID:g710548; PID:
A;Experimental source: strain C57BL/6J; kidney
C;Genetics:
A;Gene: Ank3
A;Map position: 10
A;Introns: 855/1
C;Function:
A;Description: supposed to play an important role in the polarized distribution of many i
A;Note: major kidney ankyrin
C;Superfamily: ankyrin; ankyrin repeat homology
C;Keywords: alternative splicing

  Query Match             15.6%;  Score 873.5;  DB 2;  Length 1943;
  Best Local Similarity   30.6%;  Pred. No. 8.6e-46;
  Matches  274;  Conservative  122;  Mismatches  365;  Indels  135;  Gaps   21;

Qy           3 GRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPL 62
               |  :||  |||  |:| |    |   || |   | |||| :|: :||: ||:    :|||
Db          68 GHVEVVSELLQREANVDAATKKGNTALHIASLAGQAEVVKVLVTNGANVNAQSQNGFTPL 127

Qy          63 HEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLA-----DPSAKAVLTGEYK---KDE 114
               : || :  ::|   || :||  ::   || | | :|     |     :|  : |   :
Db         128 YMAAQENHLEVVRFLLDNGASQSLATEDGFTPLAVALQQGHDQVVSLLLENDTKGKVRLP 187

Qy         115 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 174
                |  |   :: |  |||   : |         ||||:|| |  : :  |||   | |
Db         188 ALHIAARKDDTKAAALLLQNDTNADVESKSGFTPLHIAAHYGNINVATLLLNRAAAVDFT 247

Qy         175 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 234
                : |: ||| |   |:  : :||:  || ::|      ||||  |     :|  :||
Db         248 ARNDITPLHVASKRGNANMVKLLLDRGAKIDAKTRDGLTPLHCGARSGHEQVVEMLLDRS 307

Qy         235 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 294
               | | |    |                     | | |  |  : |      ||:   :  :|
Db         308 A-PILSKTKN---------------------GLSPLHMATQGD------HLNCVQLLLQH 339

Qy         295 -------PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHN 347
                         : |||| ||   : |   : ::|| | |: | |     ||||:| :|
Db         340 NVPVDDVTNDYLTALHVAAHCGHYK---VAKVLLDKKASPNAKALNGFTPLHIACKKNRI 396

Qy         348 DVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMG 407
```

```
                |:|:::|| | : |:   | | :| ||: ||:     |: :|  ||  :::| ||| |
Db         397 RVMELLLKHGASIQAVTESGLTPIHVAAFMGHVNIVSQLMHHGASPNTTNVRGETALHMA 456

Qy         408 -----NENVQQLLQEGISLGNSEADRQ--LLEAAKAGDVETVKKLCTV-QSVNCRDIEGR 459
                     | |: |:|:|  :     | |  |  :|: |  : |::|     | |     |
Db         457 ARSGQAEVVRYLVQDGAQVEAKAKDDQTPLHISARLGKADIVQQLLQQGASPNAATTSG- 515

Qy         460 QSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVV 519
                 |||| ||      |  :|| ||| :    | |  ||| |  ||  ||| ||::  |
Db         516 -YTPLHLAAREGHEDVAAFLLDHGASLSITTKKGFTPLHVAAKYGKLEVASLLLQKSASP 574

Qy         520 NVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDL-VKDGDTDIQDLL- 577
               : |     |||| ||     ::  |||  || |    ::| ||| :  |    ||   |
Db         575 DAAGKSGLTPLHVAAHYDNQKVALLLLDQGASPHAAAKNGYTPLHIAAKKNQMDIATSLL 634

Qy         578 -----------RGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPD-NVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNN 625
                          :| |::  ||::| :  |  | | : |||  :  |   |||||||  :
Db         635 EYGADANAVTRQGIASVHLAAQEGHVDMVSLLLSRNANVNLSNKSG--LTPLHLAAQEDR 692

Qy         626 LEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHE 685
               : ||| |:  || |:|| | |  |||    ||:: :   |::::| |||  |  :| ||:
Db         693 VNVAEVLVNQGAHVDAQTKMGYTPLHVGCHYGNIKIVNFLLQHSAKVNAKTKNGYTALHQ 752

Qy         686 AAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS-------ADDVSALLTAAMPPSALP 738
               |||:| | :  :|| : | |      | | | :          | :  :    |  : :
Db         753 AAQQGHTHIINVLLQNNASPNELTVNGNTALAIARRLGYISVVDTLKVVTEEIMTTTTIT 812

Qy         739 SCYK---PQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLS-GSFSELSSVVSSSGT 794
                 :|   |: :| |               |   :  ||: : || | :        | |
Db         813 EKHKMNVPETMNEVLD------------MSDDEVRKASAPEKLSDGEY-------ISDGE 853

Qy         795 EGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIG 850
               ||                                  : || |    :| ::|||:|
Db         854 EG---------------------------------EDAITGDTDKYLGPQDLKELG 876


RESULT 5
T42715
ankyrin 3, splice form 3 - mouse
C;Species: Mus musculus (house mouse)
C;Date: 11-Jan-2000 #sequence_revision 11-Jan-2000 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: T42715
R;Peters, L.L.; John, K.M.; Lu, F.M.; Eicher, E.M.; Higgins, A.; Yialamas, M.; Turtzo, L
J. Cell Biol. 130, 313-330, 1995
A;Title: Ank3 (epithelial ankyrin), a widely distributed new member of the ankyrin gene
the repeat domain.
A;Reference number: Z22237; MUID:95340633; PMID:7615634
A;Accession: T42715
A;Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DDBJ
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-1940 <PET>
A;Cross-references: UNIPROT:Q61307; UNIPARC:UPI0000029ABD; EMBL:L40632; NID:g710548; PID
A;Experimental source: strain C57BL/6J; kidney
C;Genetics:
A;Gene: Ank3
A;Map position: 10
A;Introns: 834/1
C;Superfamily: ankyrin; ankyrin repeat homology
C;Keywords: alternative splicing

  Query Match             15.6%;  Score 871.5;  DB 2;  Length 1940;
  Best Local Similarity   28.3%;  Pred. No. 1.1e-45;
  Matches  320;  Conservative  159;  Mismatches  464;  Indels  189;  Gaps   35;

Qy           3 GRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPL 62
               |  :||  |||  |:| |    |   || |   | |||| :|: :||: ||:    :|||
Db          68 GHVEVVSELLQREANVDAATKKGNTALHIASLAGQAEVVKVLVTNGANVNAQSQNGFTPL 127

Qy          63 HEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLA-----DPSAKAVLTGEYK---KDE 114
               : || :  ::|   || :||  ::   || | | :|     |     :|  : |   :
Db         128 YMAAQENHLEVVRFLLDNGASQSLATEDGFTPLAVALQQGHDQVVSLLLENDTKGKVRLP 187

Qy         115 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 174
                |  |   :: |  |||   : |         ||||:|| |  : :  |||   | |
Db         188 ALHIAARKDDTKAAALLLQNDTNADVESKSGFTPLHIAAHYGNINVATLLLNRAAAVDFT 247

Qy         175 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 234
                : |: ||| |   |:  : :||:  || ::|      ||||  |     :|  :||
Db         248 ARNDITPLHVASKRGNANMVKLLLDRGAKIDAKTRDGLTPLHCGARSGHEQVVEMLLDRS 307

Qy         235 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 294
               | | |    |                     | | |  | : |      ||:   :  :|
Db         308 A-PILSKTKN---------------------GLSPLHMATQGD------HLNCVQLLLQH 339

Qy         295 -------PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHN 347
                         : |||| ||   : |   : ::|| | |: | |     ||||:| :|
Db         340 NVPVDDVTNDYLTALHVAAHCGHYK---VAKVLLDKKASPNAKALNGFTPLHIACKKNRI 396

Qy         348 DVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMG 407
                |:|:::|| | : |:   | | :| ||: ||:     |: :|  ||  :::| ||| |
Db         397 RVMELLLKHGASIQAVTESGLTPIHVAAFMGHVNIVSQLMHHGASPNTTNVRGETALHMA 456

Qy         408 -----NENVQQLLQEGISLGNSEADRQ--LLEAAKAGDVETVKKLCTV-QSVNCRDIEGR 459
                     | |: |:|:|  :     | |  |  :|: |  : |::|     | |     |
Db         457 ARSGQAEVVRYLVQDGAQVEAKAKDDQTPLHISARLGKADIVQQLLQQGASPNAATTSG- 515

Qy         460 QSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVV 519
                 |||| ||      |  :|| ||| :    | |  ||| |  ||  ||| ||::  |
Db         516 -YTPLHLAAREGHEDVAAFLLDHGASLSITTKKGFTPLHVAAKYGKLEVASLLLQKSASP 574

Qy         520 NVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDL-VKDGDTDIQDLL- 577
               : |     |||| ||     ::  |||  || |    ::| ||| :  |    ||   |
Db         575 DAAGKSGLTPLHVAAHYDNQKVALLLLDQGASPHAAAKNGYTPLHIAAKKNQMDIATSLL 634

Qy         578 -----------RGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPD-NVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNN 625
                          :| |::  ||::| :  |  | | : |||  :  |   |||||||  :
Db         635 EYGADANAVTRQGIASVHLAAQEGHVDMVSLLLSRNANVNLSNKSG--LTPLHLAAQEDR 692

Qy         626 LEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHE 685
               : ||| |:  || |:|| | |  |||    ||:: :   |::::| |||  |  :| ||:
Db         693 VNVAEVLVNQGAHVDAQTKMGYTPLHVGCHYGNIKIVNFLLQHSAKVNAKTKNGYTALHQ 752

Qy         686 AAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS-------ADDVSALLTAAMPPSALP 738
               |||:| | :  :|| : | |      | | | :          | :  :    |  : :
Db         753 AAQQGHTHIINVLLQNNASPNELTVNGNTALAIARRLGYISVVDTLKVVTEEIMTTTTIT 812

Qy         739 SCYK---PQVLNGVRSPG--------------------ATADALSS------GP------ 763
                 :|   |: :| |                         : ||::       ||
Db         813 EKHKMNVPETMNEVLDMSDDEGDKCTWFKIPKVQEVLVKSEDAITGDTDKYLGPQDLKEL 872

Qy         764 ---SSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVS-----SSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQF 815
                  | |:      ||   | |    ||  |     ||    :  :|:  ||  :  :| |
Db         873 GDDSLPAEGYVGFSLGARSASLRSFSSDRSYTLNRSSYARDSMMIEELLVPSKEQHLT-F 931

Qy         816 VRNLGLEHLMDIFEREQITLDVL------VEMGHKELKEIGINAYG--------HRHKLI 861
                |    : |   :     ||| :      |  |   |    ::| |        |  ::|
Db         932 TREFDSDSLRH-YSWAADTLDNVNLVSSPVHSGF--LVSFMVDARGGSMRGSRHHGMRII 988

Qy         862 ----------KGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQS-VEEEMQSTV 910
                         :   ||:   :  ||   :   |  : |::: |   :|   |  |:
Db         989 IPPRKCTAPTRITCRLVKRHKLANPPPMVEGEGLASRLVEMGPAGAQFLGPVIVEIP--- 1045

Qy         911 REHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWE--RYTHRRKEVSE-----ENHNHANERML 963
                      | | :  :   | : :  | : |:  ::  : ::::|     :    : | :
Db        1046 -------HFGSMRGKERELIVLRSENGETWKEHQFDSKNEDLAELLNGMDEELDSPEEL- 1097

Qy         964 FHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENS---SKSNQYVYGIGGG 1012
                 |:  :  || | | :             |||  |    :|||   |  ||
Db        1098 --GTKRICRIITKDFPQ-------------YFAVVSRIKQESNQ--IGPEGG 1132


RESULT 6
S37431
ankyrin 2, neuronal long splice form - human
N;Alternate names: ankyrin B, 440K splice form; ankyrin-B; brain ankyrin; non-erythroid
N;Contains: ankyrin 2, short form
```

```
C;Species: Homo sapiens (man)
C;Date: 06-Jan-1995 #sequence_revision 06-Jan-1995 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: S37431; A39643; B39643; A40334; A49462; S14533; S14569
R;Chan, W.
submitted to the EMBL Data Library, September 1993
A;Reference number: S37431
A;Accession: S37431
A;Status: preliminary
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-3924 <CHA>
A;Cross-references: UNIPROT:Q01484; UNIPARC:UPI0000125B19; EMBL:Z26634; NID:g406287; PID
R;Otto, E.; Kunimoto, M.; McLaughlin, T.; Bennett, V.
J. Cell Biol. 114, 241-253, 1991
A;Title: Isolation and characterization of cDNAs encoding human brain ankyrins reveal a
A;Reference number: A39643; MUID:91302466; PMID:1830053
A;Accession: A39643
A;Status: preliminary
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-2077 <OT1>
A;Cross-references: UNIPARC:UPI0000177547; GB:X56957
A;Accession: B39643
A;Status: preliminary
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-1443,3585-3924 <OTT>
A;Cross-references: UNIPARC:UPI0000177548; EMBL:X56958
R;Tse, W.T.; Menninger, J.C.; Yang-Feng, T.L.; Francke, U.; Sahr, K.E.; Lux, S.E.; Ward,
Genomics 10, 858-866, 1991
A;Title: Isolation and chromosomal localization of a novel nonerythroid ankyrin gene.
A;Reference number: A40334; MUID:92009921; PMID:1833308
A;Accession: A40334
A;Molecule type: DNA
A;Residues: 463-474,'PE',477-495 <TSE>
A;Cross-references: UNIPARC:UPI000016A55B; GB:M37123; NID:g178647; PIDN:AAA62828.1; PID:
R;Chan, W.; Kordeli, E.; Bennett, V.
J. Cell Biol. 123, 1463-1473, 1993
A;Title: 440-kD ankyrinB: structure of the major developmentally regulated domain and se
A;Reference number: A49462; MUID:94075409; PMID:8253844
A;Accession: A49462
A;Status: preliminary; nucleic acid sequence not shown
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-3924 <RES>
A;Cross-references: UNIPARC:UPI0000125B19; EMBL:Z26634; NID:g406287; PIDN:CAA81387.1; PI
C;Genetics:
A;Gene: GDB:ANK2
A;Cross-references: GDB:127607; OMIM:106410
A;Map position: 4q25-4q27
C;Superfamily: ankyrin; ankyrin repeat homology
C;Keywords: alternative splicing
F;2-3924/Product: ankyrin 2, long form #status predicted <MAT>
F;2-1443,3585-3924/Product: ankyrin 2, short form #status predicted <MA2>
F;63-95/Domain: ankyrin repeat homology <AN01>
F;96-128/Domain: ankyrin repeat homology <AN02>
F;129-161/Domain: ankyrin repeat homology <AN03>
F;162-190/Domain: ankyrin repeat homology <AN04>
F;191-223/Domain: ankyrin repeat homology <AN05>
F;232-264/Domain: ankyrin repeat homology <AN06>
F;265-297/Domain: ankyrin repeat homology <AN07>
F;298-330/Domain: ankyrin repeat homology <AN08>
F;331-363/Domain: ankyrin repeat homology <AN09>
F;364-396/Domain: ankyrin repeat homology <AN10>
F;397-429/Domain: ankyrin repeat homology <AN11>
F;430-462/Domain: ankyrin repeat homology <AN12>
F;463-495/Domain: ankyrin repeat homology <AN13>
F;496-528/Domain: ankyrin repeat homology <AN14>
F;529-561/Domain: ankyrin repeat homology <AN15>
F;562-594/Domain: ankyrin repeat homology <AN16>
F;595-627/Domain: ankyrin repeat homology <AN17>
F;628-660/Domain: ankyrin repeat homology <AN18>
F;661-693/Domain: ankyrin repeat homology <AN19>
F;694-726/Domain: ankyrin repeat homology <AN20>
F;727-759/Domain: ankyrin repeat homology <AN21>
F;760-792/Domain: ankyrin repeat homology <AN22>
F;793-825/Domain: ankyrin repeat homology <AN23>
```

```
  Query Match             15.4%;  Score 860.5;  DB 2;  Length 3924;
  Best Local Similarity   29.8%;  Pred. No. 1.7e-44;
  Matches  283;  Conservative  127;  Mismatches  386;  Indels  153;  Gaps   21;

Qy          3 GRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPL 62
              |   :|: ||  |:|| :    |   || |   | |||| :|:: ||: ||:    :|||
Db         75 GHVGLVQELLGRGSSVDSATKKGNTALHIASLAGQAEVVKVLVKEGANINAQSQNGFTPL 134

Qy         63 HEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRT----ALDLADPSAKAVLTGEYKKDEL--- 115
              : || :  |||   ||::||  :    || |    ||      | |:|     | ::
Db        135 YMAAQENHIDVVKYLLENGANQSTATEDGFTPLAVALQQGHNQAVAILLENDTKGKVRLP 194

Qy        116 -LESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKS-----------TPLHLAAGYNRVKIVQL 163
               |  |   :: |  |||     | | :| :             ||||:|| |  | :  |
Db        195 ALHIAARKDDTKSAALLLQ---NDHNADVQSKMMVNRTTESGFTPLHIAAHYGNVNVATL 251

Qy        164 LLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNR 223
              ||  || |    :  : ||| |   |:  : :||:  |  ::|      |||| ||
Db        252 LLNRGAAVDFTARNGITPLHVASKRGNTNMVKLLLDRGGQIDAKTRDGLTPLHCAARSGH 311

Qy        224 VEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKK 283
               :|  |||  || | |    |                     | | |  | : |     |
Db        312 DQVVELLLERGA-PLLARTKN---------------------GLSPLHMAAQGDHVECVK 349

Qy        284 HLSLEMVNFKHP-----QTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPL 338
              ||    :  | |       : |||| ||   :    :: :||| | || | :     |||
Db        350 HL----LQHKAPVDDVTLDYLTALHVAA---HCGHYRVTKLLLDKRANPNARALNGFTPL 402

Qy        339 HVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISL 398
              |:| :|    |:|::||: | : |:   | | :| ||: |||    |||  |  |:: ::
Db        403 HIACKKNRIKVMELLVKYGASIQAITESGLTPIHVAAFMGHLNIVLLLLQNGASPDVTNI 462

Qy        399 QGFTALQMGN-----ENVQQLLQEGI-----------------SLGNSEADRQLLE---- 432
              :| ||| |       | |: ||: |                   || :|  : ||:
Db        463 RGETALHMAARAGQVEVVRCLLRNGALVDARAREEQTPLHIASRLGKTEIVQLLLQHMAH 522

Qy        433 --------------AAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEY 478
                            :|: | |:    |    : :    : :  |||| || |  : | :
Db        523 PDAATTNGYTPLHISAREGQVDVASVLLEAGAAHSLATK-KGFTPLHVAAKYGSLDVAKL 581

Qy        479 LLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGK 538
              |||  |   :  | || ||| |  | : :|| ||:: ||  :      :|||| || | :
Db        582 LLQRRAAADSAGKNGLTPLHVAAHYDNQKVALLLLEKGASPHATAKNGYTPLHIAAKKNQ 641

Qy        539 YEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLV-KDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKK 597
               :|   || :||:     : | ||| |  ::| ||:  ||    | :  : |  |
Db        642 MQIASTLLNYGAETNIVTKQGVTPLHLASQEGHTDMVTLLLDKGANIHMSTKSGL----- 696

Qy        598 LSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYG 657
                               | |||||  : : ||: | :|||| :|  | |  ||  |  ||
Db        697 -----------------TSLHLAAQEDKVNVADILTKHGADQDAHTKLGYTPLIVACHYG 739

Qy        658 HVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLD 717
              :| :   |:|  | |||  |  :||||:|||:| | :  :|| ||| |      | | |
Db        740 NVKMVNFLLKQGANVNAKTKNGYTPLHQAAQQGHTHIINVLLQHGAKPNATTANGNTALA 799

Qy        718 L------VSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSA 771
              :      :|  |   ::|  :  :      |    : :  |    : |         :|
Db        800 IAKRLGYISVVDTLKVVTEEVTTTTTTITEK----HKLNVPETMTEVL--------DVSD 847

Qy        772 ASSLDNLSGSFSEL-----------SSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFV--RN 818
                  | ::|   |             |: ||   :| : |      |   |:  |   |:
Db        848 EEGDDTMTGDGGEYLRPEDLKELGDDSLPSSQFLDGMNYLRYSLEGGRSDSLRSFSSDRS 907

Qy        819 LGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERL 867
                | |    : |:   :|  | :   ::  :   |  : ::|  | | |
Db        908 HTLSHAS--YLRDSAVMDDSVVIPSHQVSTLAKEAERNSYRLSWGTENL 954


RESULT 7
B35049
ankyrin 1, erythrocyte splice form 3 - human
```

```
N;Alternate names: ankyrin 2.1, erythrocyte; ankyrin-R
N;Contains: ankyrin 2.2, erythrocyte
C;Species: Homo sapiens (man)
C;Date: 17-Nov-1995 #sequence_revision 17-Nov-1995 #text_change 10-Jul-1998
C;Accession: B35049
R;Lambert, S.; Yu, H.; Prchal, J.T.; Lawler, J.; Ruff, P.; Speicher, D.; Cheung, M.C.; K
Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 87, 1730-1734, 1990
A;Title: cDNA sequence for human erythrocyte ankyrin.
A;Reference number: A35049; MUID:90175370; PMID:1689849
A;Accession: B35049
A;Status: preliminary
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-1856 <LAM>
A;Cross-references: UNIPARC:UPI0000177546
C;Genetics:
A;Gene: GDB:ANK1; ANK
A;Cross-references: GDB:118737; OMIM:182900
A;Map position: 8p11.2-8p11.2
C;Superfamily: ankyrin; ankyrin repeat homology
C;Keywords: alternative splicing
F;2-1856/Product: ankyrin 1, erythrocyte form 3 #status predicted <MAT>
F;2-1513,1676-1856/Product: ankyrin 2.2, erythrocyte #status predicted <MA2>
F;44-76/Domain: ankyrin repeat homology <AN01>
F;77-109/Domain: ankyrin repeat homology <AN02>
F;110-142/Domain: ankyrin repeat homology <AN03>
F;143-171/Domain: ankyrin repeat homology <AN04>
F;172-204/Domain: ankyrin repeat homology <AN05>
F;205-237/Domain: ankyrin repeat homology <AN06>
F;238-270/Domain: ankyrin repeat homology <AN07>
F;271-303/Domain: ankyrin repeat homology <AN08>
F;304-336/Domain: ankyrin repeat homology <AN09>
F;337-369/Domain: ankyrin repeat homology <AN10>
F;370-402/Domain: ankyrin repeat homology <AN11>
F;403-435/Domain: ankyrin repeat homology <AN12>
F;436-468/Domain: ankyrin repeat homology <AN13>
F;469-501/Domain: ankyrin repeat homology <AN14>
F;502-534/Domain: ankyrin repeat homology <AN15>
F;535-567/Domain: ankyrin repeat homology <AN16>
F;568-600/Domain: ankyrin repeat homology <AN17>
F;601-633/Domain: ankyrin repeat homology <AN18>
F;634-666/Domain: ankyrin repeat homology <AN19>
F;667-699/Domain: ankyrin repeat homology <AN20>
F;700-732/Domain: ankyrin repeat homology <AN21>
F;733-765/Domain: ankyrin repeat homology <AN22>
F;766-798/Domain: ankyrin repeat homology <AN23>

  Query Match             15.1%;  Score 844;  DB 2;  Length 1856;
  Best Local Similarity   25.7%;  Pred. No. 5.5e-44;
  Matches  281;  Conservative  151;  Mismatches  355;  Indels  306;  Gaps   28;

Qy             3 GRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPL 62
                 |: :||  |:  ||:| |:   |  ||: |    | |||  || :||: |      :|||
Db            89 GQDEVVRELVNYGANVNAQSQKGFTPLYMAAQENHLEVVKFLLENGANQNVATEDGFTPL 148

Qy            63 HEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTI---------RNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKD 113
                   |  :|  :|   |: :| :  :         || | |||         |||
Db           149 AVALQQGHENVVAHLINYGTKGKVRLPALHIAARNDDTRTA---------AVLLQNDPNP 199

Qy           114 ELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASD--------GRKS----------TPLHLAAGY 155
                 ::|  :::|         |||::  |  :         | |          ||||:|:
Db           200 DVL--SKTG--------FTPLHIAAHYENLNVAQLLLNRGSSVNFTPQNGITPLHIASRR 249

Qy           156 NRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPL 215
                   | :|:|||  || :  | | :| ||| |   ||  ::|:|:| ||| : |      :|:
Db           250 GNVIMVRLLLDRGAQIETKTKDELTPLHCAARNGHVRISEILLDHGAPIQAKTKNGLSPI 309

Qy           216 HEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAARE 275
                 | ||  : ::   ||| | |:           ||
Db           310 HMAAQGDHLDCVRLLLQYDAE-----------ID-------------------------- 332

Qy           276 ADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFL 335
                  |:|                  | | || ||   :    :: ::|| |||  | :
Db           333 -DIT----------------LDHLTPLHVAA---HCGHHRVAKVLLDKGAKPNSRALNGF 372

Qy           336 TPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNI 395
                 ||||:| :| |  |:|:::|  | ::|:   | | || | ::|||   : ||  |  ||:
Db           373 TPLHIACKKNHVRVMELLLKTGASIDAVTESGLTPLHVASFMGHLPIVKNLLQRGASPNV 432

Qy           396 ISLQGFTALQMG-----NENVQQLLQE-----------------GISLGNSEADRQLLE- 432
                  :::  | | |       |  : |||                     :|::   : |||
Db           433 SNVKVETPLHMAARAGHTEVAKYLLQNKAKVNAKAKDDQTPLHCAARIGHTNMVKLLLEN 492

Qy           433 -----------------AAKAGDVETVKKLCTVQ-SVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 474
                                  ||: | ||||  |   : |  |   :|   |||| || | :|
Db           493 NANPNLATTAGHTPLHIAAREGHVETVLALLEKEASQACMTKKG--FTPLHVAAKYGKVR 550

Qy           475 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWK-FTPLHEA 533
                 | | ||:  |  :|  | || ||| |  : : :: :||:  |   : :  |  :|||| |
Db           551 VAELLLERDAHPNAAGKNGLTPLHVAVHHNNLDIVKLLLPRGGSPH-SPAWNGYTPLHIA 609

Qy           534 AAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDL-VKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCL 592
                 | : : |: : |||:|     ::  | ||| |  ::|  ::  ||
Db           610 AKQNQVEVARSLLQYGGSANAESVQGVTPLHLAAQEGHAEMVALL--------------- 654

Qy           593 ARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHN 652
                      ||   | |  :  |   ||||| |   :: ||: |::||  |:|  : |  |||
Db           655 -----LSKQANGNLGNKSG--LTPLHLVAQEGHVPVADVLIKHGVMVDATTRMGYTPLHV 707

Qy           653 AASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEG 712
                 |: ||:: :   |::: | |||  |  ::|||:|||:| | :  ||| :|| |   : :|
Db           708 ASHYGNIKLVKFLLQHQADVNAKTKLGYSPLHQAAQQGHTDIVTLLLKNGASPNEVSSDG 767

Qy           713 QTPLDL--------------VSADDVSALLTAAMPPSALPSC------------------ 740
                  ||| :              |  |: | :| :     : |
Db           768 TTPLAIAKRLGYISVTDVLKVVTDETSFVLVSDKHRMSFPETVDEILDVSEDEGEELISF 827

Qy           741 ------------------YKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLS-----AASSLDN 777
                                   : |::   | ||          |  | ::       :   :
Db           828 KAERRDSRDVDEEKELLDFVPKLDQVVESPAI--------PRIPCAMPETVVIRSEEQEQ 879

Qy           778 LSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDV 837
                  |  : | | : ||  || : ::     |     :  |:
Db           880 ASKEYDEDSLIPSSPATETSDNISPVASPVHTGFLVSFM--------------------- 918

Qy           838 LVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVE-------------RLISGQQGLNPYLTLNTSG 884
                         :   | :  | ||  :: |              ||:  |:   |       |
Db           919 --------VDARGGSMRGSRHNGLRVVIPPRTCAAPTRITCRLVKPQKLSTPPPLAEEEG 970

Qy           885 SGTILIDLSP---------------------DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIF 923
                   : :| | |                      |:|   :  |  |  :|||
Db           971 LASRIIALGPTGAQFLSPVIVEIPHFASHGRGDRELVVLRSENGSVWKEHR--------- 1021

Qy           924 NRYNILKIQKVCN 936
                 :||    : :: |
Db          1022 SRYGESYLDQILN 1034


RESULT 8
A35049
ankyrin 1, erythrocyte splice form 2 - human
N;Alternate names: ankyrin 2.1, erythrocyte; ankyrin-R
N;Contains: ankyrin 2.2, erythrocyte
C;Species: Homo sapiens (man)
C;Date: 27-Jul-1990 #sequence_revision 01-Oct-1992 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: A35049
R;Lambert, S.; Yu, H.; Prchal, J.T.; Lawler, J.; Ruff, P.; Speicher, D.; Cheung, M.C.; K
Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 87, 1730-1734, 1990
A;Title: cDNA sequence for human erythrocyte ankyrin.
A;Reference number: A35049; MUID:90175370; PMID:1689849
A;Accession: A35049
A;Status: preliminary
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-1880 <LAM>
A;Cross-references: UNIPROT:P16157; UNIPARC:UPI0000177545; GB:M28880
C;Genetics:
A;Gene: GDB:ANK1; ANK
```

```
A;Cross-references: GDB:118737; OMIM:182900
A;Map position: 8p11.2-8p11.2
C;Superfamily: ankyrin; ankyrin repeat homology
C;Keywords: alternative splicing; cytoskeleton
F;2-1880/Product: ankyrin 1, erythrocyte form 2 #status predicted <MAT>
F;2-1513,1676-1880/Product: ankyrin 2.2, erythrocyte #status predicted <MA2>
F;44-76/Domain: ankyrin repeat homology <AN01>
F;77-109/Domain: ankyrin repeat homology <AN02>
F;110-142/Domain: ankyrin repeat homology <AN03>
F;143-171/Domain: ankyrin repeat homology <AN04>
F;172-204/Domain: ankyrin repeat homology <AN05>
F;205-237/Domain: ankyrin repeat homology <AN06>
F;238-270/Domain: ankyrin repeat homology <AN07>
F;271-303/Domain: ankyrin repeat homology <AN08>
F;304-336/Domain: ankyrin repeat homology <AN09>
F;337-369/Domain: ankyrin repeat homology <AN10>
F;370-402/Domain: ankyrin repeat homology <AN11>
F;403-435/Domain: ankyrin repeat homology <AN12>
F;436-468/Domain: ankyrin repeat homology <AN13>
F;469-501/Domain: ankyrin repeat homology <AN14>
F;502-534/Domain: ankyrin repeat homology <AN15>
F;535-567/Domain: ankyrin repeat homology <AN16>
F;568-600/Domain: ankyrin repeat homology <AN17>
F;601-633/Domain: ankyrin repeat homology <AN18>
F;634-666/Domain: ankyrin repeat homology <AN19>
F;667-699/Domain: ankyrin repeat homology <AN20>
F;700-732/Domain: ankyrin repeat homology <AN21>
F;733-765/Domain: ankyrin repeat homology <AN22>
F;766-798/Domain: ankyrin repeat homology <AN23>

  Query Match             15.1%;  Score 844;  DB 2;  Length 1880;
  Best Local Similarity   25.7%;  Pred. No. 5.6e-44;
  Matches  281;  Conservative  151;  Mismatches  355;  Indels  306;  Gaps   28;

Qy           3 GRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPL 62
               |: :||  |:  ||:| |:   |  ||: |    | |||  || :||: |      :|||
Db          89 GQDEVVRELVNYGANVNAQSQKGFTPLYMAAQENHLEVVKFLLENGANQNVATEDGFTPL 148

Qy          63 HEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTI---------RNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKD 113
                 |  :|  :|   |: :| :  :         || | |||         |||
Db         149 AVALQQGHENVVAHLINYGTKGKVRLPALHIAARNDDTRTA---------AVLLQNDPNP 199

Qy         114 ELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASD--------GRKS----------TPLHLAAGY 155
               ::|  :::|         |||::  |  :         | |          ||||:|:
Db         200 DVL--SKTG--------FTPLHIAAHYENLNVAQLLLNRGSSVNFTPQNGITPLHIASRR 249

Qy         156 NRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPL 215
                 | :|:|||  || :  | | :| ||| |   ||  ::|:|: ||| : |      :|:
Db         250 GNVIMVRLLLDRGAQIETKTKDELTPLHCAARNGHVRISEILLDHGAPIQAKTKNGLSPI 309

Qy         216 HEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAARE 275
               | ||  : ::   ||| | |:           ||
Db         310 HMAAQGDHLDCVRLLLQYDAE-----------ID-------------------------- 332

Qy         276 ADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFL 335
                |:|                  | | || ||   :    :: ::|| |||  | :
Db         333 -DIT------------------LDHLTPLHVAA---HCGHHRVAKVLLDKGAKPNSRALNGF 372

Qy         336 TPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNI 395
               ||||:| :| |  |:|:::|  | ::|:   | | || |:: |||   : ||  |  ||:
Db         373 TPLHIACKKNHVRVMELLLKTGASIDAVTESGLTPLHVASFMGHLPIVKNLLQRGASPNV 432

Qy         396 ISLQGFTALQMG-----NENVQQLLQE-----------------GISLGNSEADRQLLE- 432
                :::  | | |       |  : |||                     :|::   : |||
Db         433 SNVKVETPLHMAARAGHTEVAKYLLQNKAKVNAKAKDDQTPLHCAARIGHTNMVKLLLEN 492

Qy         433 -----------------AAKAGDVETVKKLCTVQ-SVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 474
                                ||: | ||||  |   : |  |   :|   |||| || | :|
Db         493 NANPNLATTAGHTPLHIAAREGHVETVLALLEKEASQACMTKKG--FTPLHVAAKYGKVR 550

Qy         475 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWK-FTPLHEA 533
               | | ||:  |  :|  | || ||| |  : : :: :||:  |   : :  |  :|||| |
Db         551 VAELLLERDAHPNAAGKNGLTPLHVAVHHNNLDIVKLLLPRGGSPH-SPAWNGYTPLHIA 609

Qy         534 AAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDL-VKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCL 592
               | : : |: : |||:|     ::  | ||| |  ::|  ::  ||
Db         610 AKQNQVEVARSLLQYGGSANAESVQGVTPLHLAAQEGHAEMVALL--------------- 654

Qy         593 ARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHN 652
                    ||   | |  :  |   ||||| |   :: ||: |::||  |:|  : |  |||
Db         655 -----LSKQANGNLGNKSG--LTPLHLVAQEGHVPVADVLIKHGVMVDATTRMGYTPLHV 707

Qy         653 AASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEG 712
               |: ||:: :   |::: | |||  |  ::|||:|||:| | :  ||| :|| |   : :|
Db         708 ASHYGNIKLVKFLLQHQADVNAKTKLGYSPLHQAAQQGHTDIVTLLLKNGASPNEVSSDG 767

Qy         713 QTPLDL--------------VSADDVSALLTAAMPPSALPSC------------------ 740
                ||| :              |  |: | :| :     : |
Db         768 TTPLAIAKRLGYISVTDVLKVVTDETSFVLVSDKHRMSFPETVDEILDVSEDEGEELISF 827

Qy         741 ------------------YKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLS-----AASSLDN 777
                                 : |::   | ||          |  | ::       :   :
Db         828 KAERRDSRDVDEEKELLDFVPKLDQVVESPAI--------PRIPCAMPETVVIRSEEQEQ 879

Qy         778 LSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDV 837
                |  : | | : ||  || : ::     |     :  |:
Db         880 ASKEYDEDSLIPSSPATETSDNISPVASPVHTGFLVSFM--------------------- 918

Qy         838 LVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVE-------------RLISGQQGLNPYLTLNTSG 884
                       :   | :  | ||  :: |              ||:  |:   |       |
Db         919 --------VDARGGSMRGSRHNGLRVVIPPRTCAAPTRITCRLVKPQKLSTPPPLAEEEG 970

Qy         885 SGTILIDLSP---------------------DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIF 923
                 : :| | |                      |:|   :  |  |  :|||
Db         971 LASRIIALGPTGAQFLSPVIVEIPHFASHGRGDRELVVLRSENGSVWKEHR--------- 1021

Qy         924 NRYNILKIQKVCN 936
               :||    : :: |
Db        1022 SRYGESYLDQILN 1034


RESULT 9
SJHUK
ankyrin 1, erythrocyte splice form 1 - human
N;Alternate names: ankyrin 2.1, erythrocyte; ankyrin-R
N;Contains: ankyrin 2.2
C;Species: Homo sapiens (man)
C;Date: 30-Sep-1991 #sequence_revision 30-Sep-1991 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: S08275; A33219; PC2220; A35443
R;Lux, S.E.; John, K.M.; Bennett, V.
Nature 344, 36-42, 1990
A;Title: Analysis of cDNA for human erythrocyte ankyrin indicates a repeated structure wi
A;Reference number: S08275; MUID:90158830; PMID:2137557
A;Accession: S08275
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-1881 <LU1>
A;Cross-references: UNIPROT:P16157; UNIPARC:UPI0000167B64; EMBL:X16609; NID:g28701; PIDN:
A;Accession: A33219
A;Molecule type: protein
A;Residues: 2-7,'X',9-17,'X',19-20,'T',22-30;733-749,'A',751-753;828-833,'X',835-855,'X',
X',1367;1383-1427;1601-1630;1686-1698,'D',1700;1763-1772 <LUX>
A;Cross-references: UNIPARC:UPI0000173DC3; UNIPARC:UPI0000173DC4; UNIPARC:UPI0000173DC5;
DCA; UNIPARC:UPI0000173DCB; UNIPARC:UPI0000173DCC; UNIPARC:UPI0000173DCD; UNIPARC:UPI000
A;Note: 845-Arg and 1392-Thr were also found
R;Hermann, J.; Barel, M.; Frade, R.
Biochem. Biophys. Res. Commun. 204, 453-460, 1994
A;Title: Human erythrocyte ankyrin, a cytoskeleton component, generates the p57 membrane
A;Reference number: PC2220; MUID:95071348; PMID:7526850
A;Accession: PC2220
A;Molecule type: protein
A;Residues: 910-929 <HER>
A;Cross-references: UNIPARC:UPI0000173DD0
R;Davis, L.H.; Bennett, V.
J. Biol. Chem. 265, 10589-10596, 1990
A;Title: Mapping the binding sites of human erythrocyte ankyrin for the anion exchanger
A;Reference number: A35443; MUID:90285190; PMID:2141335
```

```
A;Accession: A35443
A;Molecule type: protein
A;Residues: 'X',5,'X',7-12;403-417,'X',419-422,'H',424,'LQ';797-800,'L',802-814;862-863,
A;Cross-references: UNIPARC:UPI0000173DD1; UNIPARC:UPI0000173DD2; UNIPARC:UPI0000173DD3;
C;Genetics:
A;Gene: GDB:ANK1; ANK
A;Cross-references: GDB:118737; OMIM:182900
A;Map position: 8p11.2-8p11.2
C;Superfamily: ankyrin; ankyrin repeat homology
C;Keywords: alternative splicing; phosphoprotein
F;2-1881/Product: ankyrin 1, erythrocyte form 1 #status predicted <MAT1>
F;2-1512,1675-1881/Product: ankyrin 2.2, erythrocyte #status predicted <MAT2>
F;2-827/Domain: 89K #status predicted <DOM1>
F;2-827/Region: anion exchange protein binding
F;44-76/Domain: ankyrin repeat homology <AN01>
F;77-109/Domain: ankyrin repeat homology <AN02>
F;110-142/Domain: ankyrin repeat homology <AN03>
F;143-171/Domain: ankyrin repeat homology <AN04>
F;172-204/Domain: ankyrin repeat homology <AN05>
F;205-237/Domain: ankyrin repeat homology <AN06>
F;238-270/Domain: ankyrin repeat homology <AN07>
F;271-303/Domain: ankyrin repeat homology <AN08>
F;304-336/Domain: ankyrin repeat homology <AN09>
F;337-369/Domain: ankyrin repeat homology <AN10>
F;370-402/Domain: ankyrin repeat homology <AN11>
F;403-435/Domain: ankyrin repeat homology <AN12>
F;436-468/Domain: ankyrin repeat homology <AN13>
F;469-501/Domain: ankyrin repeat homology <AN14>
F;502-534/Domain: ankyrin repeat homology <AN15>
F;535-567/Domain: ankyrin repeat homology <AN16>
F;568-600/Domain: ankyrin repeat homology <AN17>
F;601-633/Domain: ankyrin repeat homology <AN18>
F;634-666/Domain: ankyrin repeat homology <AN19>
F;667-699/Domain: ankyrin repeat homology <AN20>
F;700-732/Domain: ankyrin repeat homology <AN21>
F;733-765/Domain: ankyrin repeat homology <AN22>
F;766-798/Domain: ankyrin repeat homology <AN23>
F;828-1382/Domain: 62K #status predicted <DOM2>
F;828-1382/Region: spectrin binding
F;1383-1881/Domain: 55K #status predicted <DOM3>

  Query Match             15.1%;  Score 842;  DB 1;  Length 1881;
  Best Local Similarity   25.5%;  Pred. No. 7.5e-44;
  Matches  279;  Conservative  152;  Mismatches  356;  Indels  306;  Gaps   27;

Qy           3 GRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPL 62
               |: :||  |:  ||:| |:   |  ||: |    | |||  || :||: |      :|||
Db          89 GQDEVVRELVNYGANVNAQSQKGFTPLYMAAQENHLEVVKFLLENGANQNVATEDGFTPL 148

Qy          63 HEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTI---------RNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKD 113
                 |  :|  :|   |: :| :  :         || | |||         |||
Db         149 AVALQQGHENVVAHLINYGTKGKVRLPALHIAARNDDTRTA---------AVLLQNDPNP 199

Qy         114 ELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKS------------------TPLHLAAGY 155
               ::|  :::|         |||::  |  :   :                  ||||:|:
Db         200 DVL--SKTG--------FTPLHIAAHYENLNVAQLLLNRGASVNFTPQNGITPLHIASRR 249

Qy         156 NRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPL 215
                 | :|:|||  || :  | | :| ||| |   ||  ::|:|: ||| : |      :|:
Db         250 GNVIMVRLLLDRGAQIETKTKDELTPLHCAARNGHVRISEILLDHGAPIQAKTKNGLSPI 309

Qy         216 HEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAARE 275
               | ||  : ::   ||| | |:           ||
Db         310 HMAAQGDHLDCVRLLLQYDAE-----------ID-------------------------- 332

Qy         276 ADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFL 335
                |:|                  | | || ||   :    :: ::|| |||  | :
Db         333 -DIT----------------LDHLTPLHVAA---HCGHHRVAKVLLDKGAKPNSRALNGF 372

Qy         336 TPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNI 395
               ||||:| :| |  |:|:::|  | ::|:   | | || |:: |||   : ||  |  ||:
Db         373 TPLHIACKKNHVRVMELLLKTGASIDAVTESGLTPLHVASFMGHLPIVKNLLQRGASPNV 432
```

```
Qy         396 ISLQGFTALQMG-----NENVQQLLQE-----------------GISLGNSEADRQLLE- 432
                :::  | | |       |  : |||                     :|::   : |||
Db         433 SNVKVETPLHMAARAGHTEVAKYLLQNKAKVNAKAKDDQTPLHCAARIGHTNMVKLLLEN 492

Qy         433 -----------------AAKAGDVETVKKLCTVQ-SVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 474
                                ||: | ||||  |   : |  |   :|   |||| || | :|
Db         493 NANPNLATTAGHTPLHIAAREGHVETVLALLEKEASQACMTKKG--FTPLHVAAKYGKVR 550

Qy         475 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWK-FTPLHEA 533
               | | ||:  |  :|  | || ||| |  : : :: :||:  |   : :  |  :|||| |
Db         551 VAELLLERDAHPNAAGKNGLTPLHVAVHHNNLDIVKLLLPRGGSPH-SPAWNGYTPLHIA 609

Qy         534 AAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDL-VKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCL 592
               | : : |: : |||:|     ::  | ||| |  ::|  ::  ||
Db         610 AKQNQVEVARSLLQYGGSANAESVQGVTPLHLAAQEGHAEMVALL--------------- 654

Qy         593 ARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHN 652
                    ||   | |  :  |   ||||| |   :: ||: |::||  |:|  : |  |||
Db         655 -----LSKQANGNLGNKSG--LTPLHLVAQEGHVPVADVLIKHGVMVDATTRMGYTPLHV 707

Qy         653 AASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEG 712
               |: ||:: :   |::: | |||  |  ::|||:|||:| | :  ||| :|| |   : :|
Db         708 ASHYGNIKLVKFLLQHQADVNAKTKLGYSPLHQAAQQGHTDIVTLLLKNGASPNEVSSDG 767

Qy         713 QTPLDL--------------VSADDVSALLTAAMPPSALPSC------------------ 740
                ||| :              |  |: | :| :     : |
Db         768 TTPLAIAKRLGYISVTDVLKVVTDETSFVLVSDKHRMSFPETVDEILDVSEDEGEELISF 827

Qy         741 ------------------YKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLS-----AASSLDN 777
                                 : |::   | ||          |  | ::       :   :
Db         828 KAERRDSRDVDEEKELLDFVPKLDQVVESPAI--------PRIPCAMPETVVIRSEEQEQ 879

Qy         778 LSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDV 837
                |  : | | : ||  || : ::     |     :  |:
Db         880 ASKEYDEDSLIPSSPATETSDNISPVASPVHTGFLVSFM--------------------- 918

Qy         838 LVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVE-------------RLISGQQGLNPYLTLNTSG 884
                       :   | :  | ||  :: |              ||:  |:   |       |
Db         919 --------VDARGGSMRGSRHNGLRVVIPPRTCAAPTRITCRLVKPQKLSTPPPLAEEEG 970

Qy         885 SGTILIDLSP---------------------DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIF 923
                 : :| | |                      |:|   :  |  |  :|||
Db         971 LASRIIALGPTGAQFLSPVIVEIPHFASHGRGDRELVVLRSENGSVWKEHR--------- 1021

Qy         924 NRYNILKIQKVCN 936
               :||    : :: |
Db        1022 SRYGESYLDQILN 1034

RESULT 10
S37771
ankyrin, erythrocyte - mouse
C;Species: Mus musculus (house mouse)
C;Date: 27-May-1994 #sequence_revision 03-Aug-1995 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: S37771
R;Birkenmeier, C.S.; White, R.A.; Peters, L.L.; Hall, E.J.; Lux, S.E.; Barker, J.E.
J. Biol. Chem. 268, 9533-9540, 1993
A;Title: Complex patterns of sequence variation and multiple 5' and 3' ends are found amc
A;Reference number: S37771; MUID:93252825; PMID:8486643
A;Accession: S37771
A;Status: preliminary
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-1848 <BIR>
A;Cross-references: UNIPROT:Q61302; UNIPARC:UPI0000028360; EMBL:X69063; NID:g311816; PIDN
C;Superfamily: ankyrin; ankyrin repeat homology
C;Keywords: alternative splicing
F;48-80/Domain: ankyrin repeat homology <AN01>
F;81-113/Domain: ankyrin repeat homology <AN02>
F;114-146/Domain: ankyrin repeat homology <AN03>
F;147-175/Domain: ankyrin repeat homology <AN04>
F;176-208/Domain: ankyrin repeat homology <AN05>
F;209-241/Domain: ankyrin repeat homology <AN06>
F;242-274/Domain: ankyrin repeat homology <AN07>
```

```
F;275-307/Domain: ankyrin repeat homology <AN08>
F;308-340/Domain: ankyrin repeat homology <AN09>
F;341-373/Domain: ankyrin repeat homology <AN10>
F;374-406/Domain: ankyrin repeat homology <AN11>
F;407-439/Domain: ankyrin repeat homology <AN12>
F;440-472/Domain: ankyrin repeat homology <AN13>
F;473-505/Domain: ankyrin repeat homology <AN14>
F;506-538/Domain: ankyrin repeat homology <AN15>
F;539-571/Domain: ankyrin repeat homology <AN16>
F;572-604/Domain: ankyrin repeat homology <AN17>
F;605-637/Domain: ankyrin repeat homology <AN18>
F;638-670/Domain: ankyrin repeat homology <AN19>
F;671-703/Domain: ankyrin repeat homology <AN20>
F;704-736/Domain: ankyrin repeat homology <AN21>
F;737-769/Domain: ankyrin repeat homology <AN22>
F;770-802/Domain: ankyrin repeat homology <AN23>

  Query Match             15.0%;  Score 839.5;  DB 2;  Length 1848;
  Best Local Similarity   29.5%;  Pred. No. 1e-43;
  Matches  237;  Conservative  127;  Mismatches  262;  Indels  177;  Gaps   20;

Qy            3 GRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPL 62
                |: :||  |:  ||:| |:   |  ||: |    | |||  || :||: |      :|||
Db           93 GQDEVVRELVNYGANVNAQSQKGFTPLYMAAQENHLEVVKFLLENGANQNVATEDGFTPL 152

Qy           63 HEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTI---------RNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKD 113
                  |  :|  :|   |: :| :  :         || | |||         |||
Db          153 AVALQQGHENVVAHLINYGTKGKVRLPALHIAARNDDTRTA---------AVLLQNDPNP 203

Qy          114 ELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKS------------------TPLHLAAGY 155
                ::|  :::|         |||::  |  :   :                  ||||:|:
Db          204 DVL--SKTG--------FTPLHIAAHYENLNVAQLLLNRGASVNFTPQNGITPLHIASRR 253

Qy          156 NRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPL 215
                  | :|:|||  || :  : | :| ||| |   ||  ::|:|: ||| : |      :|:
Db          254 GNVIMVRLLLDRGAQIETRTKDELTPLHCAARNGHVRISEILLDHGAPIQAKTKNGLSPI 313

Qy          216 HEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAARE 275
                | ||  : ::   ||| | |:           ||
Db          314 HMAAQGDHLDCVRLLLQYNAE-----------ID------------------------- 336

Qy          276 ADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFL 335
                 |:|                  | | || ||   :    :: ::|| |||  | :
Db          337 -DIT----------------LDHLTPLHVAA---HCGHHRVAKVLLDKGAKPNSRALNGF 376

Qy          336 TPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNI 395
                ||||:| :| |  |:|:::|  | ::|:   | | || |:: |||   : ||  |  ||:
Db          377 TPLHIACKKNHIRVMELLLKTGASIDAVTESGLTPLHVASFMGHLPIVKNLLQRGASPNV 436

Qy          396 ISLQGFTALQM----GNENVQQLLQEGISLGNSEAD------------------RQLLE- 432
                 :::  | | |    |:  | : | :  :  |::|                   : |||
Db          437 SNVKVETPLHMAARAGHTEVAKYLLQNKAKANAKAKDDQTPLHCAARIGHTGMVKLLLEN 496

Qy          433 -----------------AAKAGDVETVKKLCTVQ-SVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 474
                                 ||: | |:|   |   : |  |   :|   |||| || | :|
Db          497 GASPNLATTAGHTPLHTAAREGHVDTALALLEKEASQACMTKKG--FTPLHVAAKYGKVR 554

Qy          475 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWK-FTPLHEA 533
                : | ||:| |  :|  | || ||| |  : : :: :||:  |   : :  |  :|||| |
Db          555 LAELLLEHDAHPNAAGKNGLTPLHVAVHHNNLDIVKLLLPRGGSPH-SPAWNGYTPLHIA 613

Qy          534 AAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDL-VKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCL 592
                | : : |: : |||:|     ::  | ||| |  ::| |::  ||
Db          614 AKQNQIEVARSLLQYGGSANAESVQGVTPLHLAAQEGHTEMVALL--------------- 658

Qy          593 ARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHN 652
                     ||   | |  :  |   ||||| :   :: ||: |::||  |:|  : |  |||
Db          659 -----LSKQANGNLGNKSG--LTPLHLVSQEGHVPVADVLIKHGVTVDATTRMGYTPLHV 711

Qy          653 AASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEG 712
                |: ||:: :   |::: | |||  |  ::|||:||||:| | :  ||| :|| |   :  |
Db          712 ASHYGNIKLVKFLLQHQADVNAKTKLGYSPLHQAAQQGHTDIVTLLLKNGASPNEVSSNG 771

Qy          713 QTPLDL------VSADDVSALLT 729
                 ||| :      :|  ||  ::|
Db          772 TTPLAIAKRLGYISVTDVLKVVT 794

RESULT 11
I49502
ankyrin - mouse
C;Species: Mus musculus (house mouse)
C;Date: 02-Jul-1996 #sequence_revision 02-Jul-1996 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: I49502
R;White, R.A.; Birkenmeier, C.S.; Peters, L.L.; Barker, J.E.; Lux, S.E.
Mamm. Genome 3, 281-285, 1992
A;Title: Murine erythrocyte ankyrin cDNA: Highly conserved regions of the regulatory doma
A;Reference number: I49502; MUID:92345717; PMID:1386265
A;Accession: I49502
A;Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DDBJ
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-1862 <RES>
A;Cross-references: UNIPROT:Q02357; UNIPARC:UPI000002921E; GB:M84756; NID:g191939; PIDN:
C;Genetics:
A;Gene: Ank-1
C;Superfamily: ankyrin; ankyrin repeat homology
C;Keywords: alternative splicing
F;40-72/Domain: ankyrin repeat homology <AN01>
F;73-105/Domain: ankyrin repeat homology <AN02>
F;106-138/Domain: ankyrin repeat homology <AN03>
F;139-167/Domain: ankyrin repeat homology <AN04>
F;168-200/Domain: ankyrin repeat homology <AN05>
F;201-233/Domain: ankyrin repeat homology <AN06>
F;234-266/Domain: ankyrin repeat homology <AN07>
F;267-299/Domain: ankyrin repeat homology <AN08>
F;300-332/Domain: ankyrin repeat homology <AN09>
F;333-365/Domain: ankyrin repeat homology <AN10>
F;366-398/Domain: ankyrin repeat homology <AN11>
F;399-431/Domain: ankyrin repeat homology <AN12>
F;432-464/Domain: ankyrin repeat homology <AN13>
F;465-497/Domain: ankyrin repeat homology <AN14>
F;498-530/Domain: ankyrin repeat homology <AN15>
F;531-563/Domain: ankyrin repeat homology <AN16>
F;564-596/Domain: ankyrin repeat homology <AN17>
F;597-629/Domain: ankyrin repeat homology <AN18>
F;630-662/Domain: ankyrin repeat homology <AN19>
F;663-695/Domain: ankyrin repeat homology <AN20>
F;696-728/Domain: ankyrin repeat homology <AN21>
F;729-761/Domain: ankyrin repeat homology <AN22>
F;762-794/Domain: ankyrin repeat homology <AN23>

  Query Match             15.0%;  Score 837.5;  DB 2;  Length 1862;
  Best Local Similarity   29.5%;  Pred. No. 1.4e-43;
  Matches  237;  Conservative  127;  Mismatches  262;  Indels  177;  Gaps   20;

Qy            3 GRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPL 62
                |: :||  |:  ||:| |:   |  ||: |    | |||  || :||: |      :|||
Db           85 GQDEVVRELVNYGANVNAQSQKGFTPLYMAAQENHLEVVKFLLENGANQNVATEDGFTPL 144

Qy           63 HEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTI---------RNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKD 113
                  |  :|  :|   |: :| :  :         || | |||         |||
Db          145 AVALQQGHENVVAHLINYGTKGKVRLPALHIAARNDDTRTA---------AVLLQNDPNP 195

Qy          114 ELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKS------------------TPLHLAAGY 155
                ::|  :::|         |||::  |  :   :                  ||||:|:
Db          196 DVL--SKTG--------FTPLHIAAHYENLNVAQLLLNRGASVNFTPQNGITPLHIASRR 245

Qy          156 NRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPL 215
                  | :|:|||  || :  : | :| ||| |   ||  ::|:|: ||| : |      :|:
Db          246 GNVIMVRLLLDRGAQIETRTKDELTPLHCAARNGHVRISEILLDHGAPIQAKTKNGLSPI 305

Qy          216 HEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAARE 275
                | ||  : ::   ||| | |:           ||
Db          306 HMAAQGDHLDCVRLLLQYNAE-----------ID------------------------- 328

Qy          276 ADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFL 335
```

```
                |:|                  | | || ||   :    :: ::|| |||  | :
Db          329 -DIT----------------LDHLTPLHVAA---HCGHHRVAKVLLDKGAKPNSRALNGF 368

Qy          336 TPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNI 395
                ||||:| :| |  |:|:::|  | ::|:   | | || |:: |||   : ||  |  ||:
Db          369 TPLHIACKKNHIRVMELLLKTGASIDAVTESGLTPLHVASFMGHLPIVKNLLQRGASPNV 428

Qy          396 ISLQGFTALQM----GNENVQQLLQEGISLGNSEAD------------------RQLLE- 432
                 :::  | | |    |:  | : | :  :  |::|                   : |||
Db          429 SNVKVETPLHMAARAGHTEVAKYLLQNKAKANAKAKDDQTPLHCAARIGHTGMVKLLLEN 488

Qy          433 -----------------AAKAGDVETVKKLCTVQ-SVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 474
                                 ||: | |:|   |   : |  |   :|   |||| || | :|
Db          489 GASPNLATTAGHTPLHTAAREGHVDTALALLEKEASQACMTKKG--FTPLHVAAKYGKVR 546

Qy          475 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWK-FTPLHEA 533
                : | ||:| |  :|  | || ||| |  : : :: :||:  |   : :  |  :|||| |
Db          547 LAELLLEHDAHPNAAGKNGLTPLHVAVHHNNLDIVKLLLPRGGSPH-SPAWNGYTPLHIA 605

Qy          534 AAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDL-VKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCL 592
                | : : |: : |||:|     ::  | ||| |  ::| |::  ||
Db          606 AKQNQIEVARSLLQYGGSANAESVQGVTPLHLAAQEGHTEMVALL--------------- 650

Qy          593 ARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHN 652
                     ||   | |  :  |   ||||| :   :: ||: |::||  |:|  : |  |||
Db          651 -----LSKQANGNLGNKSG--LTPLHLVSQEGHVLVADVLIKHGVTVDATTRMGYTPLHV 703

Qy          653 AASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEG 712
                |: ||:: :   |::: | |||  |  ::|||:|||:| | :  ||| :|| |   :  |
Db          704 ASHYGNIKLVKFLLQHQADVNAKTKLGYSPLHQAAQQGHTDIVTLLLKNGASPNEVSSNG 763

Qy          713 QTPLDL------VSADDVSALLT 729
                 ||| :      :|  ||  ::|
Db          764 TTPLAIAKRLGYISVTDVLKVVT 786
```

RESULT 12
T13940
ankyrin - fruit fly (Drosophila melanogaster)
C;Species: Drosophila melanogaster
C;Date: 20-Sep-1999 #sequence_revision 20-Sep-1999 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: T13940
R;Dubreuil, R.R.; Yu, J.
Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 91, 10285-10289, 1994
A;Title: Ankyrin and beta-spectrin accumulate independently of alpha-spectrin in Drosoph
A;Reference number: Z17820; MUID:95024098; PMID:7937942
A;Accession: T13940
A;Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DDBJ
A;Molecule type: DNA
A;Residues: 1-1549 <DUB>
A;Cross-references: UNIPROT:Q24241; UNIPARC:UPI000007E386; EMBL:L35601; NID:g557083; PID
C;Genetics:
A;Cross-references: FlyBase:FBgn0011747

```
  Query Match             14.9%;  Score 834;  DB 2;  Length 1549;
  Best Local Similarity   27.4%;  Pred. No. 1.7e-43;
  Matches  298;  Conservative  165;  Mismatches  470;  Indels  154;  Gaps   32;

Qy            3 GRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPL 62
                |  |:   ||: |  :      |   || |   |  :|:| |: : |: | :    :|||
Db           84 GYVDICCELLRRGIKIDNATKKGNTALHIASLAGQHDVINQLILYNANVNVQSLNGFTPL 143

Qy           63 HEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLA-----DPSAKAVLTGEYK---KDE 114
                : || :   : |  || :|| |::   || | | :|     |     :|  : :   :
Db          144 YMAAQENHDNCCRTLLANGANPSLSTEDGFTPLAVAMQQGHDKIVAVLLENDVRGKVRLP 203

Qy          115 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 174
                 |  |   |:     ||   : |         ||||:|| |  | |  ||| : |||:
Db          204 ALHIAAKKNDVNAAKLLLQHDPNADIVSKSGFTPLHIAAHYGNVDIATLLLNNKADVNYV 263

Qy          175 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 234
                 | :: ||| || :|   :  ||:  || ::|      |||| |:    |||   ||
Db          264 AKHNITPLHVACKWGKLSLCTLLLCRGAKIDAATRDGLTPLHCASRSGHVEVIKHLLQQN 323

Qy          235 ADPTLLNCHN-KSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLE----- 288
                | | |    |  ||: :|   :      ::   | ||      |   :    :|
Db          324 A-PILTKTKNGLSALHMAAQGE------HDEAAHLLLDNKAPVDEVTVDYLTALHVAAHC 376

Qy          289 --------MVNFK-HPQTHE----TALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFL 335
                        ::::| :|        | || |       | :: |||:: ||||   |:  |
Db          377 GHVKVAKLLLDYKANPNARALNGFTPLHIACKK---NRIKMVELLIKHGANIGATTESGL 433

Qy          336 TPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNI 395
                |||||||     ::|  :::|||  :     |:| || ||        |:||      :
Db          434 TPLHVASFMGCINIVIYLLQHEASADLPTIRGETPLHLAARANQADIIRILLR-SAKVDA 492

Qy          396 ISLQGFTAL----QMGNEN-VQQLLQEGISLGNSEADR--QLLEAAKAGDVETVKKLCTV 448
                |  :| | |    ::|| | :  ||| |  :     |:   |  ||| |    |: |
Db          493 IVREGQTPLHVASRLGNINIIMLLLQHGAEINAQSNDKYSALHIAAKEGQENIVQVLLEN 552

Qy          449 QSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEV 508
                 : |   :  :  |||| |  | : :||: |||:|| :  : |  : ||| |  | :  :
Db          553 GAEN-NAVTKKGFTPLHLACKYGKQNVVQILLQNGASIDFQGKNDVTPLHVATHYNNPSI 611

Qy          509 AELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDL-VK 567
                 |||:|:|:  |:        :| |  |   ||   |||||||    :: | :|| |  :
Db          612 VELLLKNGSSPNLCARNGQCAIHIACKKNYLEIAMQLLQHGADVNIISKSGFSPLHLAAQ 671

Qy          568 DGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLE 627
                 |: |:  ||     :  ||| |                        ||||:||   ::
Db          672 GGNVDMVQLLLEYGVISAAAKNGL------------------------TPLHVAAQEGHVL 708

Qy          628 VAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAA 687
                |:: ||:|||::: : : |  ||| || |||:|:    |: :| :  :    :||||:||
Db          709 VSQILLEHGANISERTRNGYTPLHMAAHYGHLDLVKFFIENDADIEMSSNIGYTPLHQAA 768

Qy          688 QKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLN 747
                |:|   :  ||| | |:|    ::| | | : |       |       :|       |:|
Db          769 QQGHIMIINLLLRHKANPNALTKDGNTALHIASN------LGYVTVMESLKIVTSTSVIN 822

Qy          748 G----------VRSPGATADALSSGPSSPSSLSAAS-------SLDNLSGSFSELSSVVS 790
                           | :|    : | |     |             : |:|  :: :
Db          823 SNIGAIEEKLKVMTPELMQETLLSDSDDESCDDLLDHNHYKYMATDDLKANYGQDQKNFD 882

Qy          791 SSGTE----GASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMD--IFEREQITLDVLVEMGHK 844
                :: |:      | | |||:   : |  :      : |  |  :  | |: |  ||
Db          883 TTNTDHDLTDVSVLNKKEILPNEMSCIELTE---IGHKPDNVVIARSQVHLGFLVSF--- 936

Qy          845 ELKEIGINAYGHRHKLIKGVE------------RLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILID 891
                 :   | :  |:||  :: :              | :  |: :||   :      : :::
Db          937 LVDARGGSMRGYRHNGVRIIVPPKACAEPTRITCRYVKPQRVVNPPPLMEGEALVSRILE 996

Qy          892 LSPDDKEFQS---VEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRK 948
                :|| |  | |   :|     |:|:           |   |: | :  | : |  : :  |
Db          997 MSPVDGMFLSPITLEVPHYGTLRK-----------NEREII-ILRSDNGESWREH-NLYK 1043

Qy          949 EVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYG 1008
                ::  |: |   |   ||    |  |: :      | :              |:  | |:
Db         1044 DIIGEDINQTEE---FHSDRIVR-IVTQNVPHFFAVV-------------SRVRQEVHV 1085

Qy         1009 IG--GGT 1013
                ||  |||
Db         1086 IGPDGGT 1092
```

RESULT 13
T15347
ankyrin-related unc-44 - Caenorhabditis elegans
C;Species: Caenorhabditis elegans
C;Date: 20-Sep-1999 #sequence_revision 20-Sep-1999 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: T15347; T15346; T15344; T15345; A57282; B57282; C57282
R;Gattung, S.
submitted to the EMBL Data Library, February 1996
A;Description: The sequence of C. elegans cosmid B0350.
A;Reference number: Z18332
A;Accession: T15347

```
A;Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DDBJ
A;Molecule type: DNA
A;Residues: 1-2039 <GAT>
A;Cross-references: UNIPROT:Q17489; UNIPARC:UPI0000077B65; EMBL:U50071; NID:g1208871; PI
A;Accession: T15346
A;Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DDBJ
A;Molecule type: DNA
A;Residues: 1-1000,'SKLQHRT',1002-1718,'KWEELNRL',1727,'D','ES',1942,'PSPAQRS',1950,'IVA
32,'S',2034-2035,'GSPTRRSVEPEEHRHSQHEDHEGST' <GA2>
A;Cross-references: UNIPARC:UPI0000077BDB; EMBL:U50071; NID:g1208871; PID:g1208875; PIDN
A;Accession: T15344
A;Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DDBJ
A;Molecule type: DNA
A;Residues: 1-1718,'KW',1903-1905,'NRLADESSPS',1916-1917,'QRSTIVAESTSEQVPE',1934-1935,'E
<GA3>
A;Cross-references: UNIPARC:UPI000007878C; EMBL:U50071; NID:g1208871; PID:g1208874; PIDN
A;Accession: T15345
A;Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DDBJ
A;Molecule type: DNA
A;Residues: 1-1718,'KWEELNRL',1727,'D','ES',1942,'PSPAQRS',1950,'IVAES',1956-1957,'EQVPE
PTRRSVEPEEHRHSQHEDHEGST' <GA4>
A;Cross-references: UNIPARC:UPI000007D1A6; EMBL:U50071; NID:g1208871; PID:g1208876; PIDN
R;Otsuka, A.J.; Franco, R.; Yang, B.; Shim, K.H.; Tang, L.Z.; Zhang, Y.Y.; Boontrakulpoc
J. Cell Biol. 129, 1081-1092, 1995
A;Title: An ankyrin-related gene (unc-44) is necessary for proper axonal guidance in Cae
A;Reference number: A57282; MUID:95263663; PMID:7744957
A;Accession: A57282
A;Status: preliminary
A;Molecule type: DNA
A;Residues: 1-852,'GGG',856-1000,'SKLQHRT',1002-1319,'IG',1322-1595,'DA',1598-1718,'KWEE
,'SHRED',2007-2008,'TI',2011,2017,'TT',2020-2022,'SHIS' <OTS>
A;Cross-references: UNIPARC:UPI0000080E35; GB:U21734; NID:g790607; PIDN:AAA85854.1; PID:
A;Accession: B57282
A;Status: preliminary
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 831-852,'GGG',856-1319,'IG',1322-1595,'DA',1598-1718,'KWEELNRL',1727,1799,'E
V',1945-1947,'VT',1950,'SH',1975,'SESP',1980-1981,'SPTRRSVEPEEHRHS',1984-1985,'EDHEGS',1
A;Cross-references: UNIPARC:UPI000017754A; GB:U21731
A;Accession: C57282
A;Status: preliminary
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 194,'F',196,'I',198,'DC',201,'G',409,'AV',412,'Q',414,824,'S',826,'ER',829,'
4,'TIV',1828,'ESTS',1833,'QV',1836,'E',1934-1935,'EQS',1939,'ESES',1944,'REDDGTIVTT',194
A;Cross-references: UNIPARC:UPI0000076E32; GB:U21732; NID:g790603; PIDN:AAA85853.1; PID:
C;Genetics:
A;Gene: CESP:unc-44
A;Introns: 97/3; 262/2; 535/1; 749/1; 786/3; 883/3; 1001/2; 1045/3; 1660/1; 1719/2; 1979
C;Superfamily: ankyrin; ankyrin repeat homology
F;164-192/Domain: ankyrin repeat homology <AN04>
F;358-390/Domain: ankyrin repeat homology <AN1>
F;391-423/Domain: ankyrin repeat homology <AN11>

  Query Match             14.6%;  Score 814.5;  DB 2;  Length 2039;
  Best Local Similarity   26.1%;  Pred. No. 4.4e-42;
  Matches  301;  Conservative  156;  Mismatches  418;  Indels  279;  Gaps   36;

Qy           3 GRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPL 62
               |  :||  |::  | | |    |   || |   | : :| :|: :||: | :    :|||
Db          77 GHSEVVRELIKRQAQVDAATRKGNTALHIASLAGQSLIVTILVENGANVNVQSVNGFTPL 136

Qy          63 HEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSG 122
               : || :   :|   ||:|||   :   || | | :|                     : |
Db         137 YMAAQENHEEVVKYLLKHGANQALSTEDGFTPLAVA-------------------LQQG 176

Qy         123 NEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTP-LHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVP 181
               ::  :  ||       : | |:   | ||:||  :      ||||:  :     |    |
Db         177 HDRVVAVLLE------NDSKGKVRLPALHIAAKKDDTTAATLLLQNEHNPDVTSKSGFTP 230

Qy         182 LHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLN 241
               || |  |||  | :||:: || ||       :||| |    |  : :|||| ||   :::
Db         231 LHIAAHYGHENVGQLLLEKGANVNYQARHNISPLHVATKWGRTNMANLLLSRGA---IID 287

Qy         242 CHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETA 301
                  |  :                                                   |
Db         288 SRTKDLL---------------------------------------------------TP 296

Qy         302 LHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVN 361
               ||||| | :    |: :||: :|| |: |||  | |||:|::  | |    :: | | |:
Db         297 LHCAARSGH---DQVVDLLVVQGAPISAKTKNGLAPLHMAAQGDHVDAARTLLYHRAPVD 353

Qy         362 --ALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNEN--------- 410
                  :| |  | || ||:|||::  :|||    |||  :| ||| | :  :
Db         354 DVTVDYL--TPLHVAAHCGHVRVAKLLLDRSADPNSRALNGFTPLHIACKKNRIKVVELL 411

Qy         411 ------VQQLLQEGIS-------LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIE 457
                     ::   : |::       :|       ||:     |||||
Db         412 LKYRAAIEATTESGLTPLHVAAFMGAINIVIYLLQQGANPDVETV--------------- 456

Qy         458 GRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGA 517
                |  |||| ||  |:  ||  |:::|| | |: :    ||| |   |: ::  ||:: ||
Db         457 -RGETPLHLAARANQTDVVRVLIRNGAKVDAQARELQTPLHIASRLGNTDIVILLLQAGA 515

Qy         518 VVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLV-KDGDTDIQDL 576
                 |      ::||| || :|: |:  :|| | || |   : | ||| |  | |: ::  |
Db         516 NSNATTRDNYSPLHIAAKEGQEEVAGILLDHNADKTLLTKKGFTPLHLASKYGNLEVVRL 575

Qy         577 L--RGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHS-TPLHLAAGYNNLEVAEYLL 633
               |  ||                            | :|::  ||||:|| ||| :||  ||
Db         576 LLERGTPV------------------------DIEGKNQVTPLHVAAHYNNDKVAMLLL 610

Qy         634 QHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQ 693
               ::||   |  | |  ||| ||    :::|: |::: |  ||  :  ||||| :||:|  :
Db         611 ENGASAKAAAKNGYTPLHIAAKKNQMEIASTLLQFKADPNAKSRAGFTPLHLSAQEGHKE 670

Qy         694 LCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADD-------------VSALLTAAMPPSALPS 739
               :  ||: :|:|   |   | | : | : :|              :::   |   |  : :
Db         671 ISGLLIENGSDVGAKANNGLTAMHLCAQEDHVPVAQILYNNGAEINSKTNAGYTPLHV-A 729

Qy         740 CYKPQVLNGVR---SPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEG 796
               |:  | || |:     ||     :    :|   :|    :|      |           |
Db         730 CHFGQ-LNMVKFLVENGADVGEKTRASYTPLHQAAQQGHNNCVRYLLE---------NG 778

Qy         797 ASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLG----LEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGIN 852
               ||  |:        || |    ||    :| |  : |   ||    |:  :|      :|
Db         779 ASPNEQTATGQTPLSIAQ---RLGYVSVVETLRTVTETTVITETTTVDERYKPQNPEAMN 835

Qy         853 ----------AYGHRHKLI------------------KGVERLISGQQGLNPYLTLNTSG 884
                              |: :                   ||  : :|:| |     |   |
Db         836 ETMFSESEDEGQAAEHEAVAAHEKDFSDNLTQGLQDSTGVHMIHTGEQLLQRSQELENGG 895

Qy         885 ------SGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQS----TVREHRDG--GHAGGIFNRYNILKIQ 932
                     ||     :|| :|||  :     |    |      |    || |  ::    :
Db         896 AIPKINSG----GMSP-EKEFAKIAPVATSSPIATSNQSFGIAPRAGSISGQFQQQPLH 950

Qy         933 KVCNKKLWERYTHRRKE--VSEENHNHANERMLFHGS----PFVNAIIHKGF------DE 980
                   :   |    | :   ::  |:::    || :|     |  : :    |      |
Db         951 GAGPEDNLEELVRRAQNHPINAGNYDNGGVAMLENGHADNVPIGHHVTQPSFLISFLVDA 1010

Qy         981 RHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKS 1040
               |   : |   :|:       |::|           |:             : ||  | |
Db        1011 RGGAMRGCRHSGVRIIVPPRKASQ-----------PIR------------VTCRY-LRKD 1046

Qy        1041 FLQFSAMKMAHSPP 1054
                      |:|| ||
Db        1047 -------KLAHPPP 1053

RESULT 14
T42691
hypothetical protein DKFZp434D2328.1 - human (fragment)
C;Species: Homo sapiens (man)
C;Date: 11-Jan-2000 #sequence_revision 11-Jan-2000 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: T42691
R;Bloecker, H.; Boecher, M.; Brandt, P.; Mewes, H.W.; Gassenhuber, J.; Wiemann, S.
submitted to the Protein Sequence Database, November 1999
A;Reference number: Z22230
```

```
A;Accession: T42691
A;Status: preliminary
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-791 <AAA>
A;Cross-references: UNIPROT:Q9UFA4; UNIPARC:UPI000006DC92; EMBL:AL133087
A;Experimental source: adult testis; clone DKFZp434D2328
C;Genetics:
A;Note: DKFZp434D2328.1

  Query Match             11.2%;  Score 628;  DB 2;  Length 791;
  Best Local Similarity   27.7%;  Pred. No. 4.3e-31;
  Matches  232;  Conservative  119;  Mismatches  313;  Indels  174;  Gaps   28;

Qy          3 GRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPL 62
              |: :||::||  |  :   :  |   ||:||  |   |||:|: :||: |  :|  :|||
Db         14 GQINVVKHLLNLGVEIDEINVYGNTALHIACYNGQDAVVNELIDYGANVNQPNNNGFTPL 73

Qy         63 HEAAIKGKIDVCI-VLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELL----- 116
              | ||      :|: :|: :||:  |:: ||:: | :        : | : : : |
Db         74 HFAAASTHGALCLELLVNNGADVNIQSKDGKSPLHM------TAVHGRFTRSQTLIQNGG 127

Qy        117 --------------ESARSGNEEKMMALLT--------------PLN---VNCHA----- 140
                             :|| |:|  :  |:|              ||:   :| |:
Db        128 EIDCVDKDGNTPLHVAARYGHELLINTLITSGADTAKCGIHSMFPLHLAALNAHSDCCRK 187

Qy        141 --SDGRK-------------------STP-------LHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVH 172
                | |:|                    ||       || ||    |: ::||   ||| |
Db        188 LLSSGQKYSIVSLFSNEHVLSAGFEIDTPDKFGRTCLHAAAAGGNVECIKLLQSSGADFH 247

Qy        173 AKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLS 232
               |||    ||| | :  |:   | ||  ||  ||  | |  | || ||: :
Db        248 KKDKCGRTPLHYAAANCHFHCIETLVTTGANVNETDDWGRTALHYAAASD---------- 297

Qy        233 YGADPTLL-NCHNKSAIDLAPTPQLKER---LAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLE 288
                 : |:| | |:  |  :|    :|||:   |  ||     |||
Db        298 MDRNKTILGNAHDNSE-ELERARELKEKEATLCLEF----LLQ----------------- 335

Qy        289 MVNFKHPQTHE----TALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLT--PLHVAS 342
                |  :|   :     ::| |||  :   :|  |||| :  |::    |  |||:|:
Db        336 --NDANPSIRDKEGYNSIHYAAAYGH---RQCLELLLERTNSGFEESDSGATKSPLHLAA 390

Qy        343 EKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFT 402
                 |:  :||:::    ::  |  |:|:|  ||: || :    |::          || :
Db        391 YNGHHQALEVLLQSLVDLDIRDEKGRTALDLAAFKGHTECVEALIN----------QGAS 440

Qy        403 ALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQST 462
                   |   :  |   :  |::   | ||| |              ::|: :| :|:  |
Db        441 IFVKDNVTKRTPLHASVINGHTLCLRLLLEIAD-----------NPEAVDVKDAKGQ--T 487

Qy        463 PLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVA 522
              ||  |  |  :  |  ||:  |:|   |  |   ||     || |  ::|::    :
Db        488 PLMLAVAYGHIDAVSLLLEKEANVDTVDILGCTALHRGIMTGHEECVQMLLEQEVSILCK 547

Qy        523 DLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHG---ADPTKKNRDGNTPLD--LVKDGDTDIQDLL 577
              |    |||| |||:|       |||       |   |:  | |||          :  |: ||
Db        548 DSRGRTPLHYAAARGHATWLSELLQMALSEEDCCFKDNQGYTPLHWACYNGNENCIEVLL 607

Qy        578 R--------GD-------AALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAG 622
                       |:       | : |     | : :        |:||| :||  |||| ||
Db        608 EQKCFRKFIGNPFTPLHCAIINDHG--NCASLLLGAIDSSIVSCRDDKGR--TPLHAAAF 663

Qy        623 YNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLI-KYNACVNATDKWAFT 681
               :::|  : ||:| | ||| |  |   |   ||  |       :|:    | :   ||   |
Db        664 ADHVECLQLLLRHSAPVNAVDNSGKTALMMAAENGQAGAVDILVNSAQADLTVKDKDLNT 723

Qy        682 PLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTL---KNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSA 736
              ||| |  ||  :   |:|    | :|   ||   |||| : : :  ::   :   |
Db        724 PLHLACSKGHEKCALLILDKIQDESLINEKNNALQTPLHVAARNGLKVVVEELLAKGA 781

RESULT 15
S30355
alpha-latroinsectotoxin precursor - black widow spider (fragment)
```

```
C;Species: Latrodectus mactans tredecimguttatus (black widow spider)
C;Date: 30-Sep-1993 #sequence_revision 30-Sep-1993 #text_change 31-Dec-2004
C;Accession: S30355; S29864
R;Kiyatkin, N.; Dulubova, I.; Grishin, E.
Eur. J. Biochem. 213, 121-127, 1993
A;Title: Cloning and structural analysis of alpha-latroinsectotoxin cDNA. Abundance of ar
A;Reference number: S30355; MUID:93238678; PMID:8477689
A;Accession: S30355
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-1411 <KIY>
A;Cross-references: UNIPROT:Q02989; UNIPARC:UPI000007A3C2; EMBL:Z14086; NID:g9536; PIDN:
A;Note: it is uncertain whether Met-26 is the initiator or whether translation is initiat
C;Keywords: presynaptic neurotoxin
F;533-565/Domain: ankyrin repeat homology <AN1>
F;1001-1032/Domain: ankyrin repeat homology <AN2>
F;1146-1178/Domain: ankyrin repeat homology <AN3>

  Query Match              9.8%;  Score 545.5;  DB 2;  Length 1411;
  Best Local Similarity   23.7%;  Pred. No. 1.5e-25;
  Matches  239;  Conservative  136;  Mismatches  378;  Indels  257;  Gaps   33;

Qy         11 LLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLR------HGADPNARDNWNYTPLHE 64
              |:||||:|    : |   :| | | |: :|  |||         || |       |||||
Db        486 LIQNGANVSETFELGRGAIHAAASAGNYDVGELLLNKDINLLEKADKN-----GYTPLHI 540

Qy         65 AAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNE 124
              ||   | |  : |: : |:  :     ||  ||  |              |  :||
Db        541 AADSNKNDFVMFLIGNNADVNV-----RTKSDLFTP--------------LHLAARRDLT 581

Qy        125 EKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHN 184
              :    |:    :: :| |    |||||:          |:    | :: | |  | |||
Db        582 DVTQTLIDITEIDLNAQDKSGFTPLHLSISSTSETAAILIRNTNAVINIKSKVGLTPLHL 641

Qy        185 ACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHN 244
              |    :  |::||   || :|  |    |||| ||    :|:   ||            |
Db        642 ATLQNNLSVSKLLAGKGAYLNDGDANGMTPLHYAAMTGNLEMVDFLL-----------N 689

Qy        245 KSAIDLAPTPQLKE----RLAYEFKGHSLLQ---------------------------- 271
              :  |::    : |:     ||  || : :  :
Db        690 QQYININAATKEKKWTPLHLAILFKKNDVAERLLSDENLNIRLETNGGINPLHLASATGN 749

Qy        272 -------AAREADVTRI-KKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRK 323
                      |: |||||:  |  |              |||        | ::|   |: |
Db        750 KQLVIELLAKNADVTRLTSKGFS--------------ALHLGIIG---KNEEIPFFLVEK 792

Qy        324 GANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTC 383
              |||:|:||   :|||| |:     ::  :::   | : | |   :||   |||:
Db        793 GANVNDKTNSGVTPLHFAAGLGKANIFRLLLSRGADIKAEDINSQMPIHEAVSNGHLEIV 852

Qy        384 RLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQE-GISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETV 442
              |:|:    ||:::             ||: :  |    |   :  : : :   : |
Db        853 RILIEK--DPSLM-------------NVKNIRNEYPFYLAVEKRYKDIFDYFVSKD---- 893

Qy        443 KKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKD------------ 490
                       |  :::   :| ||  :    : ||::|:|:||:   |:
Db        894 --------ANVNEVDHNGNTLLHLFSSTGELEVVQFLMQNGANFRLKNNERKTFFDLAIE 945

Qy        491 ----------------------KGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFT 528
                                    :|  :  |  |    |: |::      :| ::
Db        946 NGRLNIVAFAVEKNKVNLQAAHRGKTILYHAICDSAKYDKIEIVKYFIEKLNESEC---N 1002

Qy        529 PLHEAAAKGKYEICKLLLQ-HGADPTKKNRDGN-TPLDLVKDG-------DTDIQDLLRG 579
              |||||||    :: |  :|  | :| : | :   :|  :   |       | |  | |
Db       1003 PLHEAAAYAHLDLVKYFVQERGINPAEFNEENQASPFCITIHGAPCGYSLDCDTPDRLEV 1062

Qy        580 DAALLDAAKKGCLARVKKLSSPD-NVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGAD 638
                 | |                || |  | |   :||: :|   | : :  ||:  |||
Db       1063 VEYLSD-------------KIPDINGKC-DVQ--ENTPITVAIFANKVSILNYLVGIGAD 1106

Qy        639 VNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIK-YNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCAL 697
               | |  |   ||: ||  |  ::   ||:  :   :|  :|  || || ||:     :
Db       1107 PNQQVDGD-PPLYIAARQGRFEIVRCLIEVHKVDINTRNKERFTALHAAARNDFMDVVKY 1165
```

```
Qy       698 LLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATAD 757
             |:  |||   |  :   |:| :: :   | | ::     | | :  |  | : | | |
Db      1166 LVRQGADVNAKGIDDLRPID-IAGEKAKAYLQSS---RFLRSGHSFQ-SNEIDSFGNTIH 1220

Qy       758 ALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVR 817
              :|          :| : | |:   |   :   |: |||    |   |  :| :
Db      1221 GIS---------MSARTNDKLTQQISSKGTRSDSNSTEGKMHSENVHVRSIDVN------ 1265

Qy       818 NLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHK-------------LIKGV 864
               |   |:|   |   :            |:     || | |             : :
Db      1266 --GALLLLDFMIRVFAS------------KKTNFAPYGSRIKTRSAAEAQAEALIMTERF 1311

Qy       865 ERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHR 914
             | |:||   |                |  ||  :| :|  ::   :   |
Db      1312 ENLLSGLIG-----------------DPIPDSIDFSNVHSKIYKAIMSGR 1344

Search completed: December 18, 2006, 17:36:01
Job time : 39.8048 secs
```

```
                    GenCore version 5.1.9
           Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.


OM protein - protein search, using sw model

Run on:         December 18, 2006, 17:21:50 ; Search time 213 Seconds
                                              (without alignments)
                                              4625.078 Million cell updates/sec

Title:          US-10-616-101-3
Perfect score:  5585
Sequence:       1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQA..........AMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065

Scoring table:  BLOSUM62
                Gapop 10.0 , Gapext 0.5

Searched:       2849598 seqs, 925015592 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      2849598

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       UniProt_7.2:*
                1:  uniprot_sprot:*
                2:  uniprot_trembl:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                                   SUMMARIES
                  %
Result            Query
  No.    Score    Match Length DB  ID                      Description
 ------------------------------------------------------------------------------
     1    5582    99.9   1166  1  TNKS2_HUMAN             Q9h2k2 homo sapien
     2    5350    95.8   1167  2  Q800E0_CHICK            Q800e0 gallus gall
     3  4742.5    84.9   1320  2  Q6PFX9_MOUSE            Q6pfx9 mus musculu
     4  4740.5    84.9   1327  1  TNKS1_HUMAN             O95271 homo sapien
     5  4732.5    84.7   1327  2  Q4G0F2_HUMAN            Q4g0f2 homo sapien
     6  4730.5    84.7   1266  2  Q800D9_CHICK            Q800d9 gallus gall
     7  4674.5    83.7   1303  2  Q5XGK5_XENLA            Q5xgk5 xenopus lae
     8  4631.5    82.9   1212  2  Q4RG97_TETNG            Q4rg97 tetraodon n
     9  4532.5    81.2   1055  2  Q59FX0_HUMAN            Q59fx0 homo sapien
    10  4136.5    74.1    976  2  Q8BX62_MOUSE            Q8bx62 mus musculu
    11    3849    68.9   1168  2  Q7PYH8_ANOGA            Q7pyh8 anopheles g
    12  3706.5    66.4   1181  2  Q9VBP3_DROME            Q9vbp3 drosophila
    13  3706.5    66.4   1181  2  Q9XZ37_DROME            Q9xz37 drosophila
    14    3179    56.9   1047  2  Q4S372_TETNG            Q4s372 tetraodon n
    15    2833    50.7    589  2  Q3UES3_MOUSE            Q3ues3 m adult mal
    16    2731    48.9    601  2  Q8BXH7_MOUSE            Q8bxh7 mus musculu
    17    1883    33.7    408  2  Q6P537_MOUSE            Q6p537 mus musculu
    18  1795.5    32.1    471  2  Q4FZM0_XENLA            Q4fzm0 xenopus lae
    19     886    15.9   1806  2  Q574D8_RAT              Q574d8 rattus norv
    20     886    15.9   1984  2  Q574D7_RAT              Q574d7 rattus norv
    21   877.5    15.7   1765  2  Q4U258_MOUSE            Q4u258 mus musculu
    22   877.5    15.7   1961  2  Q4U256_MOUSE            Q4u256 mus musculu
    23   876.5    15.7   1861  2  Q7Z3G4_HUMAN            Q7z3g4 homo sapien
    24   875.5    15.7   1726  2  Q8VC68_MOUSE            Q8vc68 mus musculu
    25   875.5    15.7   4377  1  ANK3_HUMAN              Q12955 homo sapien
    26   873.5    15.6   1861  2  Q5CZH9_HUMAN            Q5czh9 homo sapien
    27   873.5    15.6   1943  2  Q4U259_MOUSE            Q4u259 mus musculu
    28   871.5    15.6   1940  2  Q4U257_MOUSE            Q4u257 mus musculu
    29   867.5    15.5   1136  2  Q9N180_BOVIN            Q9n180 bos taurus
    30     865    15.5   4372  2  Q5VXD5_HUMAN            Q5vxd5 homo sapien
    31   864.5    15.5   2622  2  O70511_RAT              O70511 rattus norv
```

```
    32     864    15.5   1863  2  Q7Z3L5_HUMAN            Q7z315 homo sapien
    33   863.5    15.5   1762  2  O88521_RAT              O88521 rattus norv
    34   860.5    15.4   3924  1  ANK2_HUMAN              Q01484 homo sapien
    35   854.5    15.3   1219  2  Q8C8R3_MOUSE            Q8c8r3 mus musculu
    36   851.5    15.2   4408  2  Q4RNF0_TETNG            Q4rnf0 tetraodon n
    37     842    15.1   1719  2  Q13768_HUMAN            Q13768 homo sapien
    38     842    15.1   1880  1  ANK1_HUMAN              P16157 homo sapien
    39   841.5    15.1    843  2  P97582_RAT              P97582 rattus norv
    40   840.5    15.0   1856  2  Q99407_HUMAN            Q99407 homo sapien
    41   840.5    15.0   1899  2  Q59FP2_HUMAN            Q59fp2 homo sapien
    42   839.5    15.0   1848  2  Q61302_MOUSE            Q61302 mus musculu
    43   839.5    15.0   1878  2  Q3UH42_MOUSE            Q3uh42 mus musculu
    44   839.5    15.0   1907  2  Q3UHP2_MOUSE            Q3uhp2 mus musculu
    45   837.5    15.0   1862  1  ANK1_MOUSE              Q02357 mus musculu


                                   ALIGNMENTS


RESULT 1
TNKS2_HUMAN
ID   TNKS2_HUMAN     STANDARD;      PRT;  1166 AA.
AC   Q9H2K2; Q9H8F2; Q9HAS4;
DT   27-MAR-2002, integrated into UniProtKB/Swiss-Prot.
DT   01-MAR-2001, sequence version 1.
DT   07-MAR-2006, entry version 41.
DE   Tankyrase 2 (EC 2.4.2.30) (TANK2) (Tankyrase II) (TNKS-2) (TRF1-
DE   interacting ankyrin-related ADP-ribose polymerase 2) (Tankyrase-like
DE   protein) (Tankyrase-related protein).
GN   Name=TNKS2; Synonyms=PARP5B, TANK2, TNKL;
OS   Homo sapiens (Human).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini; Hominidae;
OC   Homo.
OX   NCBI_TaxID=9606;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   TISSUE=Fetal brain;
RX   MEDLINE=21072550; PubMed=11205898;
RA   Monz D., Munnia A., Comtesse N., Fischer U., Steudel W.-I., Feiden W.,
RA   Glass B., Meese E.U.;
RT   "Novel tankyrase-related gene detected with meningioma-specific
RT   sera.";
RL   Clin. Cancer Res. 7:113-119(2001).
RN   [2]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   TISSUE=Mammary carcinoma;
RX   MEDLINE=21190090; PubMed=11294570; DOI=10.1038/sj.gene.6363722;
RA   Kuimov A.N., Kuprash D.V., Petrov V.N., Vdovichenko K.K.,
RA   Scanlan M.J., Jongeneel C.V., Lagarkova M.A., Nedospasov S.A.;
RT   "Cloning and characterization of TNKL, a member of tankyrase gene
RT   family.";
RL   Genes Immun. 2:52-55(2001).
RN   [3]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE, AND SUBCELLULAR LOCATION.
RC   TISSUE=Liver;
RX   MEDLINE=21264473; PubMed=11278563; DOI=10.1074/jbc.M009756200;
RA   Lyons R.J., Deane R., Lynch D.K., Ye Z.-S.J., Sanderson G.M.,
RA   Eyre H.J., Sutherland G.R., Daly R.J.;
RT   "Identification of a novel human tankyrase through its interaction
RT   with the adaptor protein Grb14.";
RL   J. Biol. Chem. 276:17172-17180(2001).
RN   [4]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE, AND SUBCELLULAR LOCATION.
RC   TISSUE=Placenta;
RX   MEDLINE=21443728; PubMed=11454873; DOI=10.1074/jbc.M105968200;
RA   Kaminker P.G., Kim S.-H., Taylor R.D., Zebarjadian Y., Funk W.D.,
RA   Morin G.B., Yaswen P., Campisi J.;
RT   "TANK2, a new TRF1-associated poly(ADP-ribose) polymerase, causes
RT   rapid induction of cell death upon overexpression.";
RL   J. Biol. Chem. 276:35891-35899(2001).
RN   [5]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE, FUNCTION, AND INTERACTIONS WITH TRF1 AND
RP   LNPEP/OTASE.
RC   TISSUE=Skeletal muscle;
RX   MEDLINE=21661461; PubMed=11802774; DOI=10.1042/0264-6021:3610451;
RA   Sbodio J.I., Lodish H.F., Chi N.-W.;
RT   "Tankyrase-2 oligomerizes with tankyrase-1 and binds to both TRF1
RT   (telomere-repeat-binding factor 1) and IRAP (insulin-responsive
RT   aminopeptidase).";
RL   Biochem. J. 361:451-459(2002).
RN   [6]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RA   Yin Y., Gelmann E.P.;
RL   Submitted (OCT-2001) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
RN   [7]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE [LARGE SCALE GENOMIC DNA].
RX   PubMed=15164054; DOI=10.1038/nature02462;
RA   Deloukas P., Earthrowl M.E., Grafham D.V., Rubenfield M., French L.,
RA   Steward C.A., Sims S.K., Jones M.C., Searle S., Scott C., Howe K.,
RA   Hunt S.E., Andrews T.D., Gilbert J.G.R., Swarbreck D., Ashurst J.L.,
RA   Taylor A., Battles J., Bird C.P., Ainscough R., Almeida J.P.,
RA   Ashwell R.I.S., Ambrose K.D., Babbage A.K., Bagguley C.L., Bailey J.,
RA   Banerjee R., Bates K., Beasley H., Bray-Allen S., Brown A.J.,
RA   Brown J.Y., Burford D.C., Burrill W., Burton J., Cahill P., Camire D.,
RA   Carter N.P., Chapman J.C., Clark S.Y., Clarke G., Clee C.M., Clegg S.,
RA   Corby N., Coulson A., Dhami P., Dutta I., Dunn M., Faulkner L.,
RA   Frankish A., Frankland J.A., Garner P., Garnett J., Gribble S.,
RA   Griffiths C., Grocock R., Gustafson E., Hammond S., Harley J.L.,
RA   Hart E., Heath P.D., Ho T.P., Hopkins B., Horne J., Howden P.J.,
RA   Huckle E., Hynds C., Johnson C., Johnson D., Kana A., Kay M.,
RA   Kimberley A.M., Kershaw J.K., Kokkinaki M., Laird G.K., Lawlor S.,
RA   Lee H.M., Leongamornlert D.A., Laird G., Lloyd C., Lloyd D.M.,
RA   Loveland J., Lovell J., McLaren S., McLay K.E., McMurray A.,
RA   Mashreghi-Mohammadi M., Matthews L., Milne S., Nickerson T.,
RA   Nguyen M., Overton-Larty E., Palmer S.A., Pearce A.V., Peck A.I.,
RA   Pelan S., Phillimore B., Porter K., Rice C.M., Rogosin A., Ross M.T.,
RA   Sarafidou T., Sehra H.K., Shownkeen R., Skuce C.D., Smith M.,
RA   Standring L., Sycamore N., Tester J., Thorpe A., Torcasso W.,
RA   Tracey A., Tromans A., Tsolas J., Wall M., Walsh J., Wang H.,
RA   Weinstock K., West A.P., Willey D.L., Whitehead S.L., Wilming L.,
RA   Wray P.W., Young L., Chen Y., Lovering R.C., Moschonas N.K.,
RA   Siebert R., Fechtel K., Bentley D., Durbin R., Hubbard T.,
RA   Doucette-Stamm L., Beck S., Smith D.R., Rogers J.;
RT   "The DNA sequence and comparative analysis of human chromosome 10.";
RL   Nature 429:375-381(2004).
RN   [8]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE [LARGE SCALE MRNA] OF 838-1151.
RC   TISSUE=Placenta;
RX   PubMed=14702039; DOI=10.1038/ng1285;
RA   Ota T., Suzuki Y., Nishikawa T., Otsuki T., Sugiyama T., Irie R.,
RA   Wakamatsu A., Hayashi K., Sato H., Nagai K., Kimura K., Makita H.,
RA   Sekine M., Obayashi M., Nishi T., Shibahara T., Tanaka T., Ishii S.,
RA   Yamamoto J., Saito K., Kawai Y., Isono Y., Nakamura Y., Nagahari K.,
RA   Murakami K., Yasuda T., Iwayanagi T., Wagatsuma M., Shiratori A.,
RA   Sudo H., Hosoiri T., Kaku Y., Kodaira H., Kondo H., Sugawara M.,
RA   Takahashi M., Kanda K., Yokoi T., Furuya T., Kikkawa E., Omura Y.,
RA   Abe K., Kamihara K., Katsuta N., Sato K., Tanikawa M., Yamazaki M.,
RA   Ninomiya K., Ishibashi T., Yamashita H., Murakawa K., Fujimori K.,
RA   Tanai H., Kimata M., Watanabe M., Hiraoka S., Chiba Y., Ishida S.,
RA   Ono Y., Takiguchi S., Watanabe S., Yosida M., Hotuta T., Kusano J.,
RA   Kanehori K., Takahashi-Fujii A., Hara H., Tanase T.-O., Nomura Y.,
RA   Togiya S., Komai F., Hara R., Takeuchi K., Arita M., Imose N.,
RA   Musashino K., Yuuki H., Oshima A., Sasaki N., Aotsuka S.,
RA   Yoshikawa Y., Matsunawa H., Ichihara T., Shiohata N., Sano S.,
RA   Moriya S., Momiyama H., Satoh N., Takami S., Terashima Y., Suzuki O.,
RA   Nakagawa S., Senoh A., Mizoguchi H., Goto Y., Shimizu F., Wakebe H.,
RA   Hishigaki H., Watanabe T., Sugiyama A., Takemoto M., Kawakami B.,
RA   Yamazaki M., Watanabe K., Kumagai A., Itakura S., Fukuzumi Y.,
RA   Fujimori Y., Komiyama M., Tashiro H., Tanigami A., Fujiwara T.,
RA   Ono T., Yamada K., Fujii Y., Ozaki K., Hirao M., Ohmori Y.,
RA   Kawabata A., Hikiji T., Kobatake N., Inagaki H., Ikema Y., Okamoto S.,
RA   Okitani R., Kawakami T., Noguchi S., Itoh T., Shigeta K., Senba T.,
RA   Matsumura K., Nakajima Y., Mizuno T., Morinaga M., Sasaki M.,
RA   Togashi T., Oyama M., Hata H., Watanabe M., Komatsu T.,
RA   Mizushima-Sugano J., Satoh T., Shirai Y., Takahashi Y., Nakagawa K.,
```

```
RA   Okumura K., Nagase T., Nomura N., Kikuchi H., Masuho Y., Yamashita R.,
RA   Nakai K., Yada T., Nakamura Y., Ohara O., Isogai T., Sugano S.;
RT   "Complete sequencing and characterization of 21,243 full-length human
RT   cDNAs.";
RL   Nat. Genet. 36:40-45(2004).
RN   [9]
RP   FUNCTION, AND ADP-RIBOSYLATION.
RX   MEDLINE=21602874; PubMed=11739745; DOI=10.1128/MCB.22.1.332-342.2002;
RA   Cook B.D., Dynek J.N., Chang W., Shostak G., Smith S.;
RT   "Role for the related poly(ADP-Ribose) polymerases tankyrase 1 and 2
RT   at human telomeres.";
RL   Mol. Cell. Biol. 22:332-342(2002).
CC   -!- FUNCTION: May regulate vesicle trafficking and modulate the
CC       subcellular distribution of SLC2A4/GLUT4-vesicles. Has PARP
CC       activity and can modify TRF1, and thereby contribute to the
CC       regulation of telomere length.
CC   -!- CATALYTIC ACTIVITY: NAD(+) + (ADP-D-ribosyl)(n)-acceptor =
CC       nicotinamide + (ADP-D-ribosyl)(n+1)-acceptor.
CC   -!- SUBUNIT: Oligomerizes and associates with TNKS. Interacts with the
CC       cytoplasmic domain of LNPEP/Otase in SLC2A4/GLUT4-vesicles. Binds
CC       to the N-terminus of Grb14 and TRF1 with its ankyrin repeat
CC       region.
CC   -!- SUBCELLULAR LOCATION: Cytoplasmic, associated with the Golgi and
CC       with juxtanuclear SLC2A4/GLUT4-vesicles. Also found around the
CC       pericentriolar matrix of mitotic centromeres. During interphase, a
CC       small fraction of TNKS2 is found in the nucleus, associated with
CC       TRF1.
CC   -!- TISSUE SPECIFICITY: Highly expressed in placenta, skeletal muscle,
CC       liver, brain, kidney, heart, thymus, spinal cord, lung, peripheral
CC       blood leukocytes, pancreas, lymph nodes, spleen, prostate, testis,
CC       ovary, small intestine, colon, mammary gland, breast and breast
CC       carcinoma, and in common-type meningioma. Highly expressed in
CC       fetal liver, heart and brain.
CC   -!- PTM: ADP-ribosylated (-auto).
CC   -!- SIMILARITY: Contains 15 ANK repeats.
CC   -!- SIMILARITY: Contains 1 PARP catalytic domain.
CC   -!- SIMILARITY: Contains 1 SAM (sterile alpha motif) domain.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; AF305081; AAG25674.1; ALT_INIT; mRNA.
DR   EMBL; AF264912; AAG44694.1; -; mRNA.
DR   EMBL; AF329696; AAK13463.1; -; mRNA.
DR   EMBL; AF342982; AAK25811.1; -; mRNA.
DR   EMBL; AF309033; AAK82330.1; -; mRNA.
DR   EMBL; AF438201; AAL40795.1; -; mRNA.
DR   EMBL; AL359707; CAC78760.1; -; Genomic_DNA.
DR   EMBL; AK023746; BAB14665.1; ALT_INIT; mRNA.
DR   HSSP; P16157; 1N11.
DR   Ensembl; ENSG00000107854; Homo sapiens.
DR   HGNC; HGNC:15677; TNKS2.
DR   MIM; 607128; gene.
DR   InterPro; IPR001290; PARP.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   InterPro; IPR011510; SAM_2.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 17.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   SMART; SM00248; ANK; 15.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 15.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ADP-ribosylation; ANK repeat; Chromosomal protein;
KW   Glycosyltransferase; Golgi stack; NAD; Nuclear protein; Repeat;
KW   Telomere; Transferase.
FT   CHAIN         1   1166       Tankyrase 2.
FT                                /FTId=PRO_0000211334.
FT   REPEAT       57     89       ANK 1.
FT   REPEAT       90    122       ANK 2.
FT   REPEAT     123    155       ANK 3.
FT   REPEAT     210    242       ANK 4.

  Query Match             99.9%;  Score 5582;  DB 1;  Length 1166;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1064;  Conservative    1;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy     1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
         ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    67 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 126

Qy    61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   127 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 186

Qy   121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   187 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 246

Qy   181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   247 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 306

Qy   241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   307 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 366

Qy   301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   367 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 426

Qy   361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   427 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 486

Qy   421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   487 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 546

Qy   481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   547 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 606

Qy   541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   607 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 666

Qy   601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   667 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 726

Qy   661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   727 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 786

Qy   721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   787 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 846

Qy   781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   847 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 906

Qy   841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   907 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 966

Qy   901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   967 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1026

Qy   961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1027 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1086

Qy  1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1087 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1131

RESULT 2
Q800E0_CHICK
ID   Q800E0_CHICK    PRELIMINARY;    PRT;  1167 AA.
AC   Q800E0;
DT   01-JUN-2003, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   01-JUN-2003, sequence version 1.
DT   07-FEB-2006, entry version 14.
DE   Tankyrase 2.
OS   Gallus gallus (Chicken).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Archosauria; Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae; Phasianinae;
OC   Gallus.
OX   NCBI_TaxID=9031;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RX   MEDLINE=22615216; PubMed=12589701; DOI=10.1042/BJ20021450;
RA   De Rycker M., Venkatesan R.N., Wei C., Price C.M.;
RT   "Vertebrate tankyrase domain structure and sterile alpha motif (SAM)-
RT   mediated multimerization.";
RL   Biochem. J. 372:87-96(2003).
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; AY142107; AAN41650.1; -; mRNA.
DR   HSSP; Q00420; 1AWC.
DR   Ensembl; ENSGALG00000011438; Gallus gallus.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   InterPro; IPR001290; PARP.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   InterPro; IPR011510; SAM_2.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 19.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 15.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 15.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ANK repeat; Repeat.
SQ   SEQUENCE   1167 AA;  126932 MW;  7842BF482B9229E9 CRC64;

  Query Match             95.8%;  Score 5350;  DB 2;  Length 1167;
  Best Local Similarity   95.0%;  Pred. No. 8.5e-308;
  Matches 1012;  Conservative   29;  Mismatches   24;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy     1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
         |||||||||||||:||:| ||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||
Db    68 GFGRKDVVEYLLQSGANVHARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGANPNARDNWNYT 127

Qy    61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
         |||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   128 PLHEAAIKGKTDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 187

Qy   121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
         ||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   188 SGNEEKMMSLLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 247

Qy   181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        248 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 307

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              |||||| ||||||||||||||||||||||||||||:|| ||||||||| |||||||||||
Db        308 NCHNKSTIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAARESDVARIKKHLSLETVNFKHPQTHET 367

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              |||||||||||||||:||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||
Db        368 ALHCAAASPYPKRKQVCELLLRKGANINEKTKDFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 427

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              |||||||||||||||:|||||||||||| ||||:|:|||||||||||||:||||||||| 
Db        428 NALDNLGQTSLHRAAHCGHLQTCRLLLSSGCDPSIVSLQGFTALQMGNESVQQLLQEGIP 487

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||:||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        488 LGNSDADRQLLEAAKAGDVDTVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 547

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        548 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 607

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Db        608 ICKLLLQHGADPPKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLCS 667

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        668 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 727

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:
Db        728 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVT 787

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              |||||||||||||||||||||||||::  ::  :||| ||| ||||||||||||||||||
Db        788 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVISVSQTASSTADPLSSVPSSPSSLSAASSLDNLSG 847

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||| |||  ::  |||: |||||| |||||| |||||||||||:|||||||||||||||
Db        848 SFSELPSVVGTNSAEGATVLEKKEVSGVDFSINQFVRNLGLEHLIDIFEREQITLDVLVE 907

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              |||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||| |||:||||| :|||||
Db        908 MGHKELKEIGINAYGHRHKIIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSSSGTLLIDLSSEDKEFQ 967

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              |||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        968 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGVFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1027

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||
Db       1028 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPIHKD 1087

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              ||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1088 RSCYVCHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1132


RESULT 3
Q6PFX9_MOUSE
ID   Q6PFX9_MOUSE   PRELIMINARY;   PRT;  1320 AA.
AC   Q6PFX9;
DT   05-JUL-2004, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   05-JUL-2004, sequence version 1.
DT   07-FEB-2006, entry version 15.
DE   Tnks protein.
GN   Name=Tnks;
OS   Mus musculus (Mouse).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia; Sciurognathi;
OC   Muroidea; Muridae; Murinae; Mus.
OX   NCBI_TaxID=10090;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6; TISSUE=Brain;
RX   MEDLINE=22388257; PubMed=12477932; DOI=10.1073/pnas.242603899;
RA   Strausberg R.L., Feingold E.A., Grouse L.H., Derge J.G.,
RA   Klausner R.D., Collins F.S., Wagner L., Shenmen C.M., Schuler G.D.,
RA   Altschul S.F., Zeeberg B., Buetow K.H., Schaefer C.F., Bhat N.K.,
RA   Hopkins R.F., Jordan H., Moore T., Max S.I., Wang J., Hsieh F.,
RA   Diatchenko L., Marusina K., Farmer A.A., Rubin G.M., Hong L.,
RA   Stapleton M., Soares M.B., Bonaldo M.F., Casavant T.L., Scheetz T.E.,
RA   Brownstein M.J., Usdin T.B., Toshiyuki S., Carninci P., Prange C.,
RA   Raha S.S., Loquellano N.A., Peters G.J., Abramson R.D., Mullahy S.J.,
RA   Bosak S.A., McEwan P.J., McKernan K.J., Malek J.A., Gunaratne P.H.,
RA   Richards S., Worley K.C., Hale S., Garcia A.M., Gay L.J., Hulyk S.W.,
RA   Villalon D.K., Muzny D.M., Sodergren E.J., Lu X., Gibbs R.A.,
RA   Fahey J., Helton E., Ketteman M., Madan A., Rodrigues S., Sanchez A.,
RA   Whiting M., Madan A., Young A.C., Shevchenko Y., Bouffard G.G.,
RA   Blakesley R.W., Touchman J.W., Green E.D., Dickson M.C.,
RA   Rodriguez A.C., Grimwood J., Schmutz J., Myers R.M.,
RA   Butterfield Y.S.N., Krzywinski M.I., Skalska U., Smailus D.E.,
RA   Schnerch A., Schein J.E., Jones S.J.M., Marra M.A.;
RT   "Generation and initial analysis of more than 15,000 full-length human
RT   and mouse cDNA sequences.";
RL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 99:16899-16903(2002).
RN   [2]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6; TISSUE=Brain;
RA   Strausberg R.;
RL   Submitted (SEP-2003) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; BC057370; AAH57370.1; -; mRNA.
DR   HSSP; Q00420; 1AWC.
DR   Ensembl; ENSMUSG00000031529; Mus musculus.
DR   MGI; MGI:1341087; Tnks.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   InterPro; IPR001290; PARP.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   InterPro; IPR011510; SAM_2.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 19.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 15.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 15.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ANK repeat; Repeat.
SQ   SEQUENCE   1320 AA;  140944 MW;  A90360DC665FFCC0 CRC64;

  Query Match             84.9%;  Score 4742.5;  DB 2;  Length 1320;
  Best Local Similarity   82.7%;  Pred. No. 1e-271;
  Matches  882;  Conservative   98;  Mismatches   78;  Indels    9;  Gaps    2;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              |||||||||:||| ||:| ||||||||||||||||||||||:|||  |||||||||||||
Db        218 GFGRKDVVEHLLQMGANVHARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVSLLLCQGADPNARDNWNYT 277

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||:| ||||||::||||||||||||||||||||||||:||
Db        278 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGADPNIRNTDGKSALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLEAAR 337

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||| ||
Db        338 SGNEEKLMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQHGADVHAKDKGGLV 397
```

```
Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              |||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||:
Db        398 PLHNACSYGHYEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSHGADPTLV 457

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||| |||:|:||||:|:||| ||||||||||||||||: ::|| |:||::||| ||:|||
Db        458 NCHGKSAVDMAPTPELRERLTYEFKGHSLLQAAREADLAKVKKTLALEIINFKQPQSHET 517

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||| || :|||||: |||||||||:||| |:|:||||||:|:|||||:||: || ||:
Db        518 ALHCAVASLHPKRKQVAELLLRKGANVNEKNKDFMTPLHVAAERAHNDVMEVLHKHGAKM 577

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||:||||:|||||  |||||||||||||.||:||||||||| ||||| |||:| |
Db        578 NALDSLGQTALHRAALAGHLQTCRLLLSYGSDPSIISLQGFTAAQMGNEAVQQILSESTP 637

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              :  |: | :||||:||||:||||:||: |:|||||:||| ||||||||||||||||||||
Db        638 MRTSDVDYRLLEASKAGDLETVKQLCSPQNVNCRDLEGRHSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 697

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||:||| ||||||||||||||||||||||
Db        698 HHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 757

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||:||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||:|| :
Db        758 ICKLLLKHGADPTKKNRDGNTPLDLVKEGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVQKLCT 817

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              |:|:||||||||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||
Db        818 PENINCRDTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 877

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              :|||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||| :
Db        878 IAALLIKYNTCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTMKNQEGQTPLDLAT 937

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              |||: |||  |||| |||:|:|||           : :| |  |:|| ||||||:|||:|
Db        938 ADDIRALLIDAMPPEALPTCFKPQAT-------VVSASLISPASTPSCLSAASSIDNLTG 990

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKK--EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVL 838
                ::|:   :|:  :||:  |:|  || |:| :|:||:::|||||| |||| ||||||||
Db        991 PLTDLAVGGASNAGDGAAGAERKEGEVAGLDMNISQFLKSLGLEHLRDIFETEQITLDVL 1050

Qy        839 VEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKE 898
               :|||:|||||||||||||||||||||||: |||| ||||| :    ||||:||:|:|||
Db       1051 ADMGHEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQGTNPYLTFHCVNQGTILLDLAPEDKE 1110

Qy        899 FQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHA 958
              :||||||||||:|||||||:|||||||||:::|||| |||| ||: ||:||||||||||
Db       1111 YQSVEEEMQSTIREHRDGGNAGGIFNRYNVIRIQKVVNKKLRERFCHRQKEVSEENHNHH 1170

Qy        959 NERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVH 1018
              |||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Db       1171 NERMLFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPTH 1230

Qy       1019 KDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||:||||||||||||||| |||||:||||||| |||||
Db       1231 KDRSCYICHRQMLFCRVTLGKSFLQFSTMKMAHAPPGHHSVIGRPSV 1277


RESULT 4
TNKS1_HUMAN
ID   TNKS1_HUMAN     STANDARD;      PRT;  1327 AA.
AC   O95271; O95272;
DT   27-MAR-2002, integrated into UniProtKB/Swiss-Prot.
DT   01-MAY-1999, sequence version 1.
DT   07-MAR-2006, entry version 45.
DE   Tankyrase 1 (EC 2.4.2.30) (TANK1) (Tankyrase I) (TNKS-1) (TRF1-
DE   interacting ankyrin-related ADP-ribose polymerase).
GN   Name=TNKS; Synonyms=PARP5A, PARPL, TIN1, TINF1, TNKS1;
OS   Homo sapiens (Human).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini; Hominidae;
OC   Homo.
OX   NCBI_TaxID=9606;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE [MRNA] (ISOFORMS 1 AND 2).
RC   TISSUE=Testis;
RX   MEDLINE=99040105; PubMed=9822378; DOI=10.1126/science.282.5393.1484;
RA   Smith S., Giriat I., Schmitt A., de Lange T.;
RT   "Tankyrase, a poly(ADP-ribose) polymerase at human telomeres.";
RL   Science 282:1484-1487(1998).
RN   [2]
RP   SUBCELLULAR LOCATION.
RX   MEDLINE=99454782; PubMed=10523501;
RA   Smith S., de Lange T.;
RT   "Cell cycle dependent localization of the telomeric PARP, tankyrase,
RT   to nuclear pore complexes and centrosomes.";
RL   J. Cell Sci. 112:3649-3656(1999).
RN   [3]
RP   FUNCTION, AND PHOSPHORYLATION.
RX   MEDLINE=20556282; PubMed=10988299; DOI=10.1074/jbc.M007635200;
RA   Chi N.-W., Lodish H.F.;
RT   "Tankyrase is a Golgi-associated mitogen-activated protein kinase
RT   substrate that interacts with IRAP in GLUT4 vesicles.";
RL   J. Biol. Chem. 275:38437-38444(2000).
RN   [4]
RP   FUNCTION, AND MUTAGENESIS OF HIS-1184 AND GLU-1291.
RX   MEDLINE=21602874; PubMed=11739745; DOI=10.1128/MCB.22.1.332-342.2002;
RA   Cook B.D., Dynek J.N., Chang W., Shostak G., Smith S.;
RT   "Role for the related poly(ADP-Ribose) polymerases tankyrase 1 and 2
RT   at human telomeres.";
RL   Mol. Cell. Biol. 22:332-342(2002).
RN   [5]
RP   IDENTIFICATION IN A COMPLEX WITH POT1; TERF1 AND TINF2.
RX   MEDLINE=22711258; PubMed=12768206; DOI=10.1038/nature01688;
RA   Loayza D., De Lange T.;
RT   "POT1 as a terminal transducer of TRF1 telomere length control.";
RL   Nature 424:1013-1018(2003).
CC   -!- FUNCTION: May regulate vesicle trafficking and modulate the
CC       subcellular distribution of SLC2A4/GLUT4-vesicles. Has PARP
CC       activity and can modify TERF1, and thereby contribute to the
CC       regulation of telomere length.
CC   -!- CATALYTIC ACTIVITY: NAD(+) + (ADP-D-ribosyl)(n)-acceptor =
CC       nicotinamide + (ADP-D-ribosyl)(n+1)-acceptor.
CC   -!- SUBUNIT: Oligomerizes and associates with TNKS2. Interacts with
CC       the cytoplasmic domain of LNPEP/Otase in SLC2A4/GLUT4-vesicles.
CC       Binds to the N-terminus of telomeric TERF1 via the ANK repeats.
CC       Found in a complex with POT1; TERF1 and TINF2.
CC   -!- SUBCELLULAR LOCATION: Cytoplasmic, associated with the Golgi and
CC       with juxtanuclear SLC2A4/GLUT4-vesicles. A minor proportion is
CC       also found at nuclear pore complexes and around the pericentriolar
CC       matrix of mitotic centromeres. During interphase, a small fraction
CC       of TNKS is found in the nucleus, associated with TERF1.
CC   -!- ALTERNATIVE PRODUCTS:
CC       Event=Alternative splicing; Named isoforms=2;
CC       Name=1;
CC         IsoId=O95271-1; Sequence=Displayed;
CC       Name=2;
CC         IsoId=O95271-2; Sequence=VSP_004538, VSP_004539;
CC         Note=No experimental confirmation available;
CC   -!- TISSUE SPECIFICITY: Ubiquitous; highest levels in testis.
CC   -!- PTM: Phosphorylated on serine residues by MAPK kinases upon
CC       insulin stimulation.
CC   -!- PTM: ADP-ribosylated (-auto).
CC   -!- SIMILARITY: Contains 15 ANK repeats.
CC   -!- SIMILARITY: Contains 1 PARP catalytic domain.
CC   -!- SIMILARITY: Contains 1 SAM (sterile alpha motif) domain.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; AF082556; AAC79841.1; -; mRNA.
DR   EMBL; AF082557; AAC79842.1; -; mRNA.
DR   EMBL; AF082558; AAC79843.1; -; mRNA.
DR   EMBL; AF082559; AAC79844.1; -; mRNA.
DR   HSSP; P16157; 1N11.
DR   Ensembl; ENSG00000173273; Homo sapiens.
DR   HGNC; HGNC:11941; TNKS.
DR   MIM; 603303; gene.
DR   GO; GO:0000781; C:chromosome, telomeric region; IDA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IDA.
DR   GO; GO:0005515; F:protein binding; IPI.
DR   GO; GO:0007004; P:telomerase-dependent telomere maintenance; NAS.
DR   InterPro; IPR001290; PARP.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   InterPro; IPR011510; SAM_2.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 19.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   SMART; SM00248; ANK; 15.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 15.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ADP-ribosylation; Alternative splicing; ANK repeat;
KW   Chromosomal protein; Glycosyltransferase; Golgi stack; NAD;
KW   Nuclear protein; Phosphorylation; Repeat; Telomere; Transferase.
FT   CHAIN         1   1327       Tankyrase 1.
FT                                /FTId=PRO_0000211333.
FT   REPEAT      215    247       ANK 1.
FT   REPEAT      248    280       ANK 2.
FT   REPEAT      281    313       ANK 3.
FT   REPEAT      368    400       ANK 4.
FT   REPEAT      401    433       ANK 5.
FT   REPEAT      434    466       ANK 6.
FT   REPEAT      521    556       ANK 7.
FT   REPEAT      557    589       ANK 8.
FT   REPEAT      590    622       ANK 9.
FT   REPEAT      683    715       ANK 10.
FT   REPEAT      716    748       ANK 11.
FT   REPEAT      749    781       ANK 12.
FT   REPEAT      836    868       ANK 13.
FT   REPEAT      869    901       ANK 14.
FT   REPEAT      902    934       ANK 15.
FT   DOMAIN     1030   1089       SAM.
FT   DOMAIN     1112   1317       PARP catalytic.
FT   COMPBIAS      9     14       Poly-His.
FT   COMPBIAS     27     34       Poly-Pro.
FT   COMPBIAS    128    134       Poly-Ser.
FT   COMPBIAS    137    145       Poly-Ser.
FT   VARSPLIC    641    643       EST -> GHS (in isoform 2).
FT                                /FTId=VSP_004538.
FT   VARSPLIC    644   1327       Missing (In isoform 2).
FT                                /FTId=VSP_004539.
FT   MUTAGEN    1184   1184       H->A: Loss of activity; when associated
FT                                with A-1291.
FT   MUTAGEN    1291   1291       E->A: Loss of activity; when associated
FT                                with A-1184.
SQ   SEQUENCE   1327 AA;  142011 MW;  E14DE985C710B957 CRC64;

  Query Match             84.9%;  Score 4740.5;  DB 1;  Length 1327;
  Best Local Similarity   82.7%;  Pred. No. 1.3e-271;
  Matches  882;  Conservative   97;  Mismatches   79;  Indels    9;  Gaps    2;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              |||||||||:||| ||:| ||||||||||||||||||||||:|||  |||||||||||||
Db        225 GFGRKDVVEHLLQMGANVHARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVSLLLCQGADPNARDNWNYT 284

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              |||||||||||||||||||||||:| ||||||::||||||||||||||||||||||||:||
Db        285 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGADPNIRNTDGKSALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLEAAR 344

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||| ||
Db        345 SGNEEKLMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQHGADVHAKDKGGLV 404

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              |||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||:
Db        405 PLHNACSYGHYEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSHGADPTLV 464

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||| |||:|:||||:|:||| ||||||||||||||||: ::|| |:||::||| ||:|||
Db        465 NCHGKSAVDMAPTPELRERLTYEFKGHSLLQAAREADLAKVKKTLALEIINFKQPQSHET 524

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||| || :|||||: |||||||||:||| |:|:||||||:|:|||||:||: || ||:
Db        525 ALHCAVASLHPKRKQVTELLLRKGANVNEKNKDFMTPLHVAAERAHNDVMEVLHKHGAKM 584

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              |||| ||||:|||||  ||||||||||||| ||:||||||||| ||||| |||:| |
Db        585 NALDTLGQTALHRAALAGHLQTCRLLLSYGSDPSIISLQGFTAAQMGNEAVQQILSESTP 644

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              :  |: | :||||:||||:||||:||: |:|||||:||| ||||||||||||||||||||
Db        645 IRTSDVDYRLLEASKAGDLETVKQLCSSQNVNCRDLEGRHSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 704

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||:||| ||||||||||||||||||||||
Db        705 HHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 764

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||:||||||||||||||||||||:|||||||||:|||||||||||||||||:|| :
Db        765 ICKLLLKHGADPTKKNRDGNTPLDLVKEGDTDIQDLLKGDAALLDAAKKGCLARVQKLCT 824

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              |:|:||||||||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||
Db        825 PENINCRDTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 884

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              :|||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||| :
Db        885 IAALLIKYNTCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTMKNQEGQTPLDLAT 944

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              |||: |||  |||| |||:|:|||           : :| |  |:||  ||||||:|||:|
Db        945 ADDIRALLIDAMPPEALPTCFKPQAT-------VVSASLISPASTPSCLSAASSIDNLTG 997

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKK--EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVL 838
                :||:   :|:  :||:  |:|  || |:| :|:||:::|||||| |||| ||||||||
Db        998 PLAELAVGGASNAGDGAAGTERKEGEVAGLDMNISQFLKSLGLEHLRDIFETEQITLDVL 1057

Qy        839 VEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKE 898
               :|||:|||||||||||||||||||||||: |||| ||||| :    ||||:||:|:|||
Db       1058 ADMGHEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQGTNPYLTFHCVNQGTILLDLAPEDKE 1117

Qy        899 FQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHA 958
              :||||||||||:|||||||:|||||||||:::|||| |||| ||: ||:||||||||||
Db       1118 YQSVEEEMQSTIREHRDGGNAGGIFNRYNVIRIQKVVNKKLRERFCHRQKEVSEENHNHH 1177

Qy        959 NERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVH 1018
              |||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Db       1178 NERMLFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPTH 1237

Qy       1019 KDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||:||||||||||||||| |||||:||||||| |||||
Db       1238 KDRSCYICHRQMLFCRVTLGKSFLQFSTMKMAHAPPGHHSVIGRPSV 1284


RESULT 5
Q4G0F2_HUMAN
ID   Q4G0F2_HUMAN   PRELIMINARY;   PRT;  1327 AA.
AC   Q4G0F2;
DT   30-AUG-2005, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   30-AUG-2005, sequence version 1.
DT   07-FEB-2006, entry version 4.
DE   Tankyrase, TRF1-interacting ankyrin-related ADP-ribose polymerase.
GN   Name=TNKS;
OS   Homo sapiens (Human).
```

```
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini; Hominidae;
OC   Homo.
OX   NCBI_TaxID=9606;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   TISSUE=Testis;
RX   MEDLINE=22388257; PubMed=12477932; DOI=10.1073/pnas.242603899;
RA   Strausberg R.L., Feingold E.A., Grouse L.H., Derge J.G.,
RA   Klausner R.D., Collins F.S., Wagner L., Shenmen C.M., Schuler G.D.,
RA   Altschul S.F., Zeeberg B., Buetow K.H., Schaefer C.F., Bhat N.K.,
RA   Hopkins R.F., Jordan H., Moore T., Max S.I., Wang J., Hsieh F.,
RA   Diatchenko L., Marusina K., Farmer A.A., Rubin G.M., Hong L.,
RA   Stapleton M., Soares M.B., Bonaldo M.F., Casavant T.L., Scheetz T.E.,
RA   Brownstein M.J., Usdin T.B., Toshiyuki S., Carninci P., Prange C.,
RA   Raha S.S., Loquellano N.A., Peters G.J., Abramson R.D., Mullahy S.J.,
RA   Bosak S.A., McEwan P.J., McKernan K.J., Malek J.A., Gunaratne P.H.,
RA   Richards S., Worley K.C., Hale S., Garcia A.M., Gay L.J., Hulyk S.W.,
RA   Villalon D.K., Muzny D.M., Sodergren E.J., Lu X., Gibbs R.A.,
RA   Fahey J., Helton E., Ketteman M., Madan A., Rodrigues S., Sanchez A.,
RA   Whiting M., Madan A., Young A.C., Shevchenko Y., Bouffard G.G.,
RA   Blakesley R.W., Touchman J.W., Green E.D., Dickson M.C.,
RA   Rodriguez A.C., Grimwood J., Schmutz J., Myers R.M.,
RA   Butterfield Y.S.N., Krzywinski M.I., Skalska U., Smailus D.E.,
RA   Schnerch A., Schein J.E., Jones S.J.M., Marra M.A.;
RT   "Generation and initial analysis of more than 15,000 full-length human
RT   and mouse cDNA sequences.";
RL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 99:16899-16903(2002).
RN   [2]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   TISSUE=Testis;
RG   NIH MGC Project;
RL   Submitted (JUL-2005) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; BC098394; AAH98394.1; -; mRNA.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 18.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 15.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 15.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ANK repeat; Repeat.
SQ   SEQUENCE   1327 AA;  141980 MW;  21A8309DF979CA21 CRC64;

  Query Match             84.7%;  Score 4732.5;  DB 2;  Length 1327;
  Best Local Similarity   82.6%;  Pred. No. 4e-271;
  Matches  881;  Conservative   97;  Mismatches   80;  Indels    9;  Gaps    2;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              |||||||||:||| ||:| ||||||||||||||||||||||:|||  |||||||||||||
Db        225 GFGRKDVVEHLLQMGANVHARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVSLLLCQGADPNARDNWNYT 284

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||:| ||||||::||||||||||||||||||||||||:||
Db        285 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGADPNIRNTDGKSALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLEAAR 344

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||| ||
Db        345 SGNEEKLMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQHGADVHAKDKGGLV 404

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              |||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||:
Db        405 PLHNACSYGHYEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSHGADPTLV 464

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||| |||:|:||||:|:||| ||||||||||||||||: ::|| |:||::||| ||:|||
Db        465 NCHGKSAVDMAPTPELRERLTYEFKGHSLLQAAREADLAKVKKTLALEIINFKQPQSHET 524

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||| || :|||||: |||||||||:||| |:|:||||||:|:|||||:||: || ||:
Db        525 ALHCAVASLHPKRKQVTELLLRKGANVNEKNKDFMTPLHVAAERAHNDVMEVLHKHGAKM 584

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              |||| ||||:|||||  ||||||||||||| ||:||||||||| ||||| |||:| |
Db        585 NALDTLGQTALHRAALAGHLQTCRLLLSYGSDPSIISLQGFTAAQMGNEAVQQILSESTP 644

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              :  |: | :||||:||||:||||:||: |:|||||:||| ||||||||||||||||||||
Db        645 IRTSDVDYRLLEASKAGDLETVKQLCSSQNVNCRDLEGRHSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 704

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||:||| ||||||||||||||||||||||
Db        705 HHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 764

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||:||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||:|| :
Db        765 ICKLLLKHGADPTKKNRDGNTPLDLVKEGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVQKLCT 824

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              |:|:||||||||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||
Db        825 PENINCRDTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 884

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              :|||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||| :
Db        885 IAALLIKYNTCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTMKNQEGQTPLDLAT 944

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              |||: |||  |||| |||:|:|||           : :| |  |:|| ||||||:|||:|
Db        945 ADDIRALLIDAMPPEALPTCFKPQAT-------VVSASLISPASTPSCLSAASSIDNLTG 997

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKK--EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVL 838
               :  |:   :|:  :||:  |:|  || |:| :|:||:::|||||| |||| ||||||||
Db        998 PLAGLAVGGASNAGDGAAGTERKEGEVAGLDMNISQFLKSLGLEHLRDIFETEQITLDVL 1057

Qy        839 VEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKE 898
               :|||:|||||||||||||||||||||||: |||| ||||| :    ||||:||:|:|||
Db       1058 ADMGHEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQGTNPYLTFHCVNQGTILLDLAPEDKE 1117

Qy        899 FQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHA 958
              :||||||||||:|||||||:|||||||||:::|||| |||| ||: ||:||||||||||.
Db       1118 YQSVEEEMQSTIREHRDGGNAGGIFNRYNVIRIQKVVNKKLRERFCHRQKEVSEENHNHH 1177

Qy        959 NERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVH 1018
              |||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Db       1178 NERMLFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPTH 1237

Qy       1019 KDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||:||||||||||||||| :||||:||||||| |||||
Db       1238 KDRSCYICHRQMLFCRVTLGKSFLQFSTIKMAHAPPGHHSVIGRPSV 1284


RESULT 6
Q800D9_CHICK
ID   Q800D9_CHICK    PRELIMINARY;    PRT;  1266 AA.
AC   Q800D9;
DT   01-JUN-2003, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   01-JUN-2003, sequence version 1.
DT   07-FEB-2006, entry version 14.
DE   Tankyrase 1.
OS   Gallus gallus (Chicken).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Archosauria; Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae; Phasianinae;
OC   Gallus.
```

```
OX   NCBI_TaxID=9031;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RX   MEDLINE=22615216; PubMed=12589701; DOI=10.1042/BJ20021450;
RA   De Rycker M., Venkatesan R.N., Wei C., Price C.M.;
RT   "Vertebrate tankyrase domain structure and sterile alpha motif (SAM)-
RT   mediated multimerization.";
RL   Biochem. J. 372:87-96(2003).
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; AY142108; AAN41651.1; -; mRNA.
DR   HSSP; P16157; 1N11.
DR   Ensembl; ENSGALG00000011438; Gallus gallus.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   InterPro; IPR001290; PARP.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   InterPro; IPR011510; SAM_2.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 19.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 15.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 15.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ANK repeat; Repeat.
SQ   SEQUENCE   1266 AA;  136212 MW;  14B8617EF930E6E0 CRC64;

  Query Match             84.7%;  Score 4730.5;  DB 2;  Length 1266;
  Best Local Similarity   82.6%;  Pred. No. 4.8e-271;
  Matches  881;  Conservative   97;  Mismatches   80;  Indels    9;  Gaps    2;

Qy            1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
                |||||||||:|| |||:| ||||||||||||||||||||||:|||  |||||||||||||
Db          164 GFGRKDVVEHLLQTGANVHARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVSLLLCQGADPNARDNWNYT 223

Qy           61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
                ||||||||||||||||||||||:| ||||||::|||||||||:||||||||||||||:||
Db          224 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGADPNIRNTDGKSALDLADPSAEAVLTGEYKKDELLEAAR 283

Qy          121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
                ||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||| ||
Db          284 SGNEEKLMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQHGADVHAKDKGGLV 343

Qy          181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
                |||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||:
Db          344 PLHNACSYGHYEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSHGADPTLV 403

Qy          241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
                ||| |||:|:||||:|:||| ||||||||||||||||: ::|| |:||::||| ||:|||
Db          404 NCHGKSAVDMAPTPELRERLTYEFKGHSLLQAAREADLAKVKKTLALEIINFKQPQSHET 463

Qy          301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
                ||||| |: :|||||: |||||||||:||| |:|:||||||:|||||||:||: || ||:
Db          464 ALHCAVAAVHPKRKQVTELLLRKGANVNEKNKDFMTPLHVAAEKAHNDVMEVLHKHGAKM 523

Qy          361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
                |||| ||||:|||||  ||||||||||:|| ||:||||||||| |:||| |||:| |
Db          524 NALDTLGQTALHRAALAGHLQTCRLLLNYGSDPSIISLQGFTAAQIGNEAVQQILSESTP 583

Qy          421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
                :  |: | :||||:||||:||||:||: |:|||||:||| ||||||||||||||||||||
Db          584 VRTSDVDYRLLEASKAGDLETVKQLCSPQNVNCRDLEGRHSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 643

Qy          481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||:||| ||||||||||||||||||||||
Db          644 HHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 703

Qy          541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
                ||||||:||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||:|| :
Db          704 ICKLLLKHGADPTKKNRDGNTPLDLVKEGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVQKLCT 763

Qy          601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
                |:|:||||||||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||
Db          764 PENINCRDTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 823

Qy          661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
                :|||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||| :
Db          824 IAALLIKYNTCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTMKNQEGQTPLDLAT 883

Qy          721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
                |||: |||  |||| |||:|:| |           : :| |  |:|| ||||||:|||:|
Db          884 ADDIRALLIDAMPPEALPTCFKLQAT-------VVSASLISPASTPSCLSAASSIDNLTG 936

Qy          781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKK--EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVL 838
                  :||:   :|:  :||:  |:|  || |:| :||||:::|||||| |||| ||||||||
Db          937 PLAELAVGGASNTGDGAAGTERKEGEVSGLDMNITQFLKSLGLEHLRDIFETEQITLDVL 996

Qy          839 VEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKE 898
                 :|||:|||||||||||||||||||||||: |||| ||||| :    ||||:||:|||||
Db          997 ADMGHEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQGTNPYLTFHCVSQGTILLDLAPDDKE 1056

Qy          899 FQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHA 958
                :||||||||||:|||||||:|||||||||:::|||| |||| ||: ||:||||||||||
Db         1057 YQSVEEEMQSTIREHRDGGNAGGIFNRYNVIRIQKVVNKKLRERFCHRQKEVSEENHNHH 1116

Qy          959 NERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVH 1018
                |||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Db         1117 NERMLFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPTH 1176

Qy         1019 KDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
                |||||||||||:||||||||||||||| |||||:||||||| |||||
Db         1177 KDRSCYICHRQMLFCRVTLGKSFLQFSTMKMAHAPPGHHSVIGRPSV 1223


RESULT 7
Q5XGK5_XENLA
ID   Q5XGK5_XENLA    PRELIMINARY;    PRT;   1303 AA.
AC   Q5XGK5;
DT   23-NOV-2004, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   23-NOV-2004, sequence version 1.
DT   07-FEB-2006, entry version 12.
DE   LOC495279 protein.
GN   Name=LOC495279;
OS   Xenopus laevis (African clawed frog).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Amphibia; Batrachia; Anura; Mesobatrachia; Pipoidea; Pipidae;
OC   Xenopodinae; Xenopus; Xenopus.
OX   NCBI_TaxID=8355;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   TISSUE=Spleen;
RX   MEDLINE=22341132; PubMed=12454917; DOI=10.1002/dvdy.10174;
RA   Klein S.L., Strausberg R.L., Wagner L., Pontius J., Clifton S.W.,
RA   Richardson P.;
RT   "Genetic and genomic tools for Xenopus research: The NIH Xenopus
RT   initiative.";
RL   Dev. Dyn. 225:384-391(2002).
RN   [2]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   TISSUE=Spleen;
RX   MEDLINE=22388257; PubMed=12477932; DOI=10.1073/pnas.242603899;
RA   Strausberg R.L., Feingold E.A., Grouse L.H., Derge J.G.,
RA   Klausner R.D., Collins F.S., Wagner L., Shenmen C.M., Schuler G.D.,
RA   Altschul S.F., Zeeberg B., Buetow K.H., Schaefer C.F., Bhat N.K.,
RA   Hopkins R.F., Jordan H., Moore T., Max S.I., Wang J., Hsieh F.,
RA   Diatchenko L., Marusina K., Farmer A.A., Rubin G.M., Hong L.,
RA   Stapleton M., Soares M.B., Bonaldo M.F., Casavant T.L., Scheetz T.E.,
RA   Brownstein M.J., Usdin T.B., Toshiyuki S., Carninci P., Prange C.,
RA   Raha S.S., Loquellano N.A., Peters G.J., Abramson R.D., Mullahy S.J.,
RA   Bosak S.A., McEwan P.J., McKernan K.J., Malek J.A., Gunaratne P.H.,
RA   Richards S., Worley K.C., Hale S., Garcia A.M., Gay L.J., Hulyk S.W.,
RA   Villalon D.K., Muzny D.M., Sodergren E.J., Lu X., Gibbs R.A.,
RA   Fahey J., Helton E., Ketteman M., Madan A., Rodrigues S., Sanchez A.,
RA   Whiting M., Madan A., Young A.C., Shevchenko Y., Bouffard G.G.,
RA   Blakesley R.W., Touchman J.W., Green E.D., Dickson M.C.,
RA   Rodriguez A.C., Grimwood J., Schmutz J., Myers R.M.,
RA   Butterfield Y.S.N., Krzywinski M.I., Skalska U., Smailus D.E.,
RA   Schnerch A., Schein J.E., Jones S.J.M., Marra M.A.;
RT   "Generation and initial analysis of more than 15,000 full-length human
RT   and mouse cDNA sequences.";
RL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 99:16899-16903(2002).
RN   [3]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   TISSUE=Spleen;
RA   Klein S., Gerhard D.S.;
RL   Submitted (OCT-2004) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; BC084432; AAH84432.1; -; mRNA.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   InterPro; IPR001290; PARP.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   InterPro; IPR011510; SAM_2.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 18.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 15.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 15.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ANK repeat; Repeat.
SQ   SEQUENCE   1303 AA;  140271 MW;  5F4C3FE9329D5F8B CRC64;

  Query Match             83.7%;  Score 4674.5;  DB 2;  Length 1303;
  Best Local Similarity   81.6%;  Pred. No. 1.1e-267;
  Matches  871;  Conservative   99;  Mismatches   88;  Indels    9;  Gaps    2;

Qy           1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
               |||||||||:||| ||:| |||||||||||||||||||||| |||  |||||||||||||
Db         201 GFGRKDVVEHLLQTGANVHARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVTLLLCQGADPNARDNWNYT 260

Qy          61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
               |||||:||||||||||||||||:|:||||||::||||||||||||||||||||||||:||
Db         261 PLHEASIKGKIDVCIVLLQHGADPSIRNTDGKSALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLEAAR 320

Qy         121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
               ||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||| ||
Db         321 SGNEEKLMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQHGADVHAKDKGGLV 380

Qy         181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
               ||||||||||:||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||:
Db         381 PLHNACSYGHFEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSHGADPTLV 440

Qy         241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
               ||| |||:|:||||:|||||:||||||||||||||||: ::|| |:||::||| ||:|||
Db         441 NCHGKSAVDMAPTPELKERLSYEFKGHSLLQAAREADLAKVKKTLALEIINFKQPQSHET 500

Qy         301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
               ||||| || :|||||| ||||||||::||| |:|:||||||||:||||||||: || ||:
Db         501 ALHCAVASLHPKRKQITELLLRKGASVNEKNKDFMTPLHVASERAHNDVVEVLHKHGAKM 560
```

```
Qy         361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
               | || ||||:|||||  |||||||||||:| | :|:||||||| ||||| |||:| |
Db         561 NTLDTLGQTALHRAALGGHLQTCRLLLSFGSDASIVSLQGFTAAQMGNEAVQQILNESTP 620

Qy         421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
               :  |: | :||||:||||:: ||:||: |:|||||:||| ||||||||||||||||||||
Db         621 VRTSDVDYRLLEASKAGDLDIVKQLCSSQNVNCRDLEGRHSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 680

Qy         481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
                ||||||||||||||||||||||||||||||||:||| ||||||||||||||||||||||
Db         681 HHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 740

Qy         541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
               ||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|| :
Db         741 ICKLLLKHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVQKLCT 800

Qy         601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
                :|:||||||||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||
Db         801 QENINCRDTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 860

Qy         661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
               :|||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||| |||||| :
Db         861 IAALLIKYNTCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTMKNQESQTPLDLAT 920

Qy         721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
               |||: |||  |||| |||||:|||           : :: |  |:|| ||||||:|||:|
Db         921 ADDIRALLIDAMPPEALPSCFKPQAT-------VVSASIISPASTPSCLSAASSIDNLTG 973

Qy         781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKK--EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVL 838
                 :||:    |:  :||:  |:|  ||  :| :| ||:::|||||| |||| ||||||||
Db         974 PLAELAVGGVSNAGDGAAGTERKEGEVTCLDMNINQFLKSLGLEHLRDIFETEQITLDVL 1033

Qy         839 VEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKE 898
                :|||:|||||||||||||||||||||||: |||| ||||| :    ||:|:||: ||||
Db        1034 ADMGHEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQGTNPYLTFHCVSQGTVLLDLASDDKE 1093

Qy         899 FQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHA 958
                ||||||||:::|||||||:|||:|||||:::|||: |||| ||: ||:||||||||||
Db        1094 HQSVEEEMQNSIREHRDGGNAGGVFNRYNVIRIQKIVNKKLRERFCHRQKEVSEENHNHH 1153

Qy         959 NERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVH 1018
               |||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Db        1154 NERMLFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPTH 1213

Qy        1019 KDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
               |||||||||||:||||||||||||||| |||||:||||||| |||||
Db        1214 KDRSCYICHRQMLFCRVTLGKSFLQFSTMKMAHAPPGHHSVIGRPSV 1260


RESULT 8
Q4RG97_TETNG
ID   Q4RG97_TETNG    PRELIMINARY;    PRT;   1212 AA.
AC   Q4RG97;
DT   19-JUL-2005, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   19-JUL-2005, sequence version 1.
DT   07-FEB-2006, entry version 5.
DE   Chromosome 12 SCAF15104, whole genome shotgun sequence. (Fragment).
GN   ORFNames=GSTENG00034904001;
OS   Tetraodon nigroviridis (Green puffer).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Euteleostei; Neoteleostei;
OC   Acanthomorpha; Acanthopterygii; Percomorpha; Tetraodontiformes;
OC   Tetradontoidea; Tetraodontidae; Tetraodon.
OX   NCBI_TaxID=99883;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RX   PubMed=15496914; DOI=10.1038/nature03025;
RA   Jaillon O., Aury J.-M., Brunet F., Petit J.-L., Stange-Thomann N.,
RA   Mauceli E., Bouneau L., Fischer C., Ozouf-Costaz C., Bernot A.,
RA   Nicaud S., Jaffe D., Fisher S., Lutfalla G., Dossat C., Segurens B.,
RA   Dasilva C., Salanoubat M., Levy M., Boudet N., Castellano S.,
RA   Anthouard V., Jubin C., Castelli V., Katinka M., Vacherie B.,
RA   Biemont C., Skalli Z., Cattolico L., Poulain J., De Berardinis V.,
RA   Cruaud C., Duprat S., Brottier P., Coutanceau J.-P., Gouzy J.,
RA   Parra G., Lardier G., Chapple C., McKernan K.J., McEwan P., Bosak S.,
RA   Kellis M., Volff J.-N., Guigo R., Zody M.C., Mesirov J.,
RA   Lindblad-Toh K., Birren B., Nusbaum C., Kahn D., Robinson-Rechavi M.,
RA   Laudet V., Schachter V., Quetier F., Saurin W., Scarpelli C.,
RA   Wincker P., Lander E.S., Weissenbach J., Roest Crollius H.;
RT   "Genome duplication in the teleost fish Tetraodon nigroviridis reveals
RT   the early vertebrate proto-karyotype.";
RL   Nature 431:946-957(2004).
RN   [2]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RG   Genoscope; Whitehead Institute Centre for Genome Research;
RL   Submitted (FEB-2004) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -!- CAUTION: The sequence shown here is derived from an
CC       EMBL/GenBank/DDBJ whole genome shotgun (WGS) entry which is
CC       preliminary data.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; CAAE01015104; CAG12585.1; -; Genomic_DNA.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 15.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 13.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 13.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ANK repeat.
FT   NON_TER       1      1
FT   NON_TER    1212   1212
SQ   SEQUENCE   1212 AA;  131719 MW;  973307E7FF92C219 CRC64;

  Query Match             82.9%;  Score 4631.5;  DB 2;  Length 1212;
  Best Local Similarity   77.2%;  Pred. No. 3.3e-265;
  Matches  872;  Conservative  103;  Mismatches   78;  Indels   77;  Gaps    7;

Qy          3 GRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPL 62
              | |      || ||:| ||||||||||||||||||||||:||| ||||||||||||||||
Db         50 GEKTWWNTFLQTGANVHARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVSLLLCHGADPNARDNWNYTPL 109

Qy         63 HEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSG 122
              ||||||||||||||||||||:| ||||||::||||||||||||||||||||||||:||||
Db        110 HEAAIKGKIDVCIVLLQHGADPNIRNTDGKSALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLEAARSG 169

Qy        123 NEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPL 182
              ||||:|||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||| ||||
Db        170 NEEKLMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQHGADVHAKDKGGLVPL 229

Qy        183 HNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNC 242
              ||||||||:||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||
Db        230 HNACSYGHFEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSHGADPTLLNC 289

Qy        243 HNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETAL 302
              |:|||:|:||||:||:|| ||||||||||||||||: ::|| |:||:::||||||::|||
Db        290 HSKSAVDMAPTPELKDRLTYEFKGHSLLQAAREADMAKVKKTLALEIISFKHPQTNDTAL 349

Qy        303 ---------HCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVV 353
                       ||| |||:|||||: |||||||||||:| |:|:||||||:|:||||::||:
Db        350 MLKVAAVFQHCAVASPHPKRKQVTELLLRKGANINDKNKDFMTPLHVAAERAHNDILEVL 409

Qy        354 VKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQ 413
               || ||||| | ||||:|||||  ||:|||:|||||| || |:||||||| ||||| |||
Db        410 QKHGAKVNAADTLGQTALHRAALAGHIQTCKLLLSYGADPAIVSLQGFTAAQMGNEAVQQ 469
```

```
Qy        414 LLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETV------------------------KKLCTVQ 449
              :| | :   ||: | : ||||||||::||                        ::||: |
Db        470 ILNENVPTRNSDVDYRFLEAAKAGDLDTVQVSWSLALRLVSEGMRLQKVLSVSQQLCSPQ 529

Qy        450 SVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVA 509
              :|||||:||| |||||||||||||:|||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db        530 NVNCRDLEGRHSTPLHFAAGYNRVAVVEYLLHHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVA 589

Qy        510 ELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDG 569
              ||||:||| ||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||||| |||:||||
Db        590 ELLVRHGASVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLKHGADPTKKNRDGNIPLDMVKDG 649

Qy        570 DTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVA 629
              ||||||||||||||||||||||||||:|| ||:|:||||||||:||||||||||||||||
Db        650 DTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVQKLCSPENINCRDTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVA 709

Qy        630 EYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQK 689
              ||||:||||||||||||||||||||||||||:|||||||| |||||||||||||||||||
Db        710 EYLLEHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDIAALLIKYNTCVNATDKWAFTPLHEAAQK 769

Qy        690 GRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLD-------------------------LVSADDV 724
              |||||||||||||||||:||||||| ||                         |: |||:
Db        770 GRTQLCALLLAHGADPTMKNQEGQTALDLATVNLPLFIVSTLYSRRAHGVFWLLLQADDI 829

Qy        725 SALLTAAMPPSALPSCYKPQ---VLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGS 781
               |||  |||| |||||:|||   |   | || :|          || ||||||:|||:|
Db        830 RALLIDAMPPDALPSCFKPQATVVSASVISPAST----------PSCLSAASSIDNLAGP 879

Qy        782 FSELSSVVSSSGT----EGASSLEKK--EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITL 835
               :||::   |:|:    :||:  |:|  |:  :| :|:||:::|||:|| ||||||||||
Db        880 LTELAAAAVSTGSSGVADGATGSERKEGEMTMLDMNISQFLKSLGLDHLRDIFEREQITL 939

Qy        836 DVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPD 895
              ||| :|||:|||||||||||||||||||||||: |||| ||||| : :  |||||||:||
Db        940 DVLADMGHEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQGANPYLTFHCASQGTILIDLAPD 999

Qy        896 DKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENH 955
              |||:||||||||||:|||||||:|||:|:||||:||||| |||| ||||||:||:::|||
Db       1000 DKEYQSVEEEMQSTIREHRDGGNAGGVFSRYNIIKIQKVVNKKLRERYTHRQKEIADENH 1059

Qy        956 NHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGC 1015
              || |||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1060 NHHNERMLFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGC 1119

Qy       1016 PVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              | |||||||:||||:|||||||||||||||||||||:||||||| |||||
Db       1120 PTHKDRSCYLCHRQMLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHAPPGHHSVIGRPSV 1169

RESULT 9
Q59FX0_HUMAN
ID   Q59FX0_HUMAN   PRELIMINARY;   PRT;  1055 AA.
AC   Q59FX0;
DT   26-APR-2005, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   26-APR-2005, sequence version 1.
DT   07-FEB-2006, entry version 6.
DE   Tankyrase, TRF1-interacting ankyrin-related ADP-ribose polymerase
DE   variant (Fragment).
OS   Homo sapiens (Human).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini; Hominidae;
OC   Homo.
OX   NCBI_TaxID=9606;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   TISSUE=Brain;
RA   Totoki Y., Toyoda A., Takeda T., Sakaki Y., Tanaka A., Yokoyama S.,
RA   Ohara O., Nagase T., Kikuno F.R.;
RT   "None Title.";
RL   Submitted (MAR-2005) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; AB209339; BAD92576.1; -; mRNA.
DR   Ensembl; ENSG00000173273; Homo sapiens.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   InterPro; IPR001290; PARP.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   InterPro; IPR011510; SAM_2.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 17.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 13.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 13.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ANK repeat.
FT   NON_TER       1      1
SQ   SEQUENCE   1055 AA;  115234 MW;  9210519D299EB805 CRC64;

  Query Match             81.2%;  Score 4532.5;  DB 2;  Length 1055;
  Best Local Similarity   82.6%;  Pred. No. 2e-259;
  Matches  842;  Conservative   93;  Mismatches   75;  Indels    9;  Gaps    2;

Qy         49 ADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTG 108
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||:| ||||||::|||||||||||||||
Db          1 ADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGADPNIRNTDGKSALDLADPSAKAVLTG 60

Qy        109 EYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHG 168
              |||||||||:||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||
Db         61 EYKKDELLEAARSGNEEKLMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQHG 120

Qy        169 ADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCS 228
              ||||||||| |||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 ADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCS 180

Qy        229 LLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLE 288
              ||||:||||||:||| |||:|:||||:|:||| ||||||||||||||||: ::|| |:||
Db        181 LLLSHGADPTLVNCHGKSAVDMAPTPELRERLTYEFKGHSLLQAAREADLAKVKKTLALE 240

Qy        289 MVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHND 348
              ::||| ||:|||||||| || :|||||: |||||||||:||| |:|:||||||:|:||||
Db        241 IINFKQPQSHETALHCAVASLHPKRKQVTELLLRKGANVNEKNKDFMTPLHVAAERAHND 300

Qy        349 VVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGN 408
              |:||: || ||:|||| ||||:|||||  ||||||||||||| ||:||||||||| ||||
Db        301 VMEVLHKHGAKMNALDTLGQTALHRAALAGHLQTCRLLLSYGSDPSIISLQGFTAAQMGN 360

Qy        409 ENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAA 468
              | |||:| |   :  |: | :||||:||||:||||:||: |:|||||:||| ||||||||
Db        361 EAVQQILSESTPIRTSDVDYRLLEASKAGDLETVKQLCSSQNVNCRDLEGRHSTPLHFAA 420

Qy        469 GYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFT 528
              |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||:||| ||||||||||
Db        421 GYNRVSVVEYLLHHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASVNVADLWKFT 480

Qy        529 PLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAK 588
              ||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||
Db        481 PLHEAAAKGKYEICKLLLKHGADPTKKNRDGNTPLDLVKEGDTDIQDLLRGDAALLDAAK 540

Qy        589 KGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLI 648
              |||||||:|| :|:|:||||||||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||
Db        541 KGCLARVQKLCTPENINCRDTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGLI 600

Qy        649 PLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLK 708
              ||||||||||||:|||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|
Db        601 PLHNAASYGHVDIAALLIKYNTCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTMK 660
```

```
Qy        709 NQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSS 768
              |||||||||| :|||: |||  |||| |||:|:|||           : :| |  |:||
Db        661 NQEGQTPLDLATADDIRALLIDAMPPEALPTCFKPQAT-------VVSASLISPASTPSC 713

Qy        769 LSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKK--EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMD 826
              ||||||:|||:|  :||:   :|:  :||:  |:|  || |:| :|:||:::|||||| |
Db        714 LSAASSIDNLTGPLAELAVGGASNAGDGAAGTERKEGEVAGLDMNISQFLKSLGLEHLRD 773

Qy        827 IFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSG 886
              ||| |||||||| :|||:|||||||||||||||||||||||: |||| ||||| :    |
Db        774 IFETEQITLDVLADMGHEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQGTNPYLTFHCVNQG 833

Qy        887 TILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHR 946
              |||:||:|:|||:||||||||||:|||||||:|||||||||:::|||| |||| ||: ||
Db        834 TILLDLAPEDKEYQSVEEEMQSTIREHRDGGNAGGIFNRYNVIRIQKVVNKKLRERFCHR 893

Qy        947 RKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYV 1006
              :|||||||||| |||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        894 QKEVSEENHNHHNERMLFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYV 953

Qy       1007 YGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||| ||||||||||||:||||||||||||||| |||||:||||||| |||||
Db        954 YGIGGGTGCPTHKDRSCYICHRQMLFCRVTLGKSFLQFSTMKMAHAPPGHHSVIGRPSV 1012

RESULT 10
Q8BX62_MOUSE
ID   Q8BX62_MOUSE    PRELIMINARY;    PRT;   976 AA.
AC   Q8BX62;
DT   01-MAR-2003, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   01-MAR-2003, sequence version 1.
DT   07-FEB-2006, entry version 20.
DE   0 day neonate cerebellum cDNA, RIKEN full-length enriched library,
DE   clone:C230076L23 product:tankyrase, TRF1-interacting ankyrin-related
DE   ADP-ribose polymerase, full insert sequence.
GN   Name=Tnks;
OS   Mus musculus (Mouse).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia; Sciurognathi;
OC   Muroidea; Muridae; Murinae; Mus.
OX   NCBI_TaxID=10090;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   TISSUE=Cerebellum; STRAIN=C57BL/6J;
RX   MEDLINE=99279253; PubMed=10349636; DOI=10.1016/S0076-6879(99)03004-9;
RA   Carninci P., Hayashizaki Y.;
RT   "High-efficiency full-length cDNA cloning.";
RL   Methods Enzymol. 303:19-44(1999).
RN   [2]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Cerebellum;
RX   PubMed=16141072; DOI=10.1126/science.1112014;
RA   Carninci P., Kasukawa T., Katayama S., Gough J., Frith M.C., Maeda N.,
RA   Oyama R., Ravasi T., Lenhard B., Wells C., Kodzius R., Shimokawa K.,
RA   Bajic V.B., Brenner S.E., Batalov S., Forrest A.R., Zavolan M.,
RA   Davis M.J., Wilming L.G., Aidinis V., Allen J.E.,
RA   Ambesi-Impiombato A., Apweiler R., Aturaliya R.N., Bailey T.L.,
RA   Bansal M., Baxter L., Beisel K.W., Bersano T., Bono H., Chalk A.M.,
RA   Chiu K.P., Choudhary V., Christoffels A., Clutterbuck D.R.,
RA   Crowe M.L., Dalla E., Dalrymple B.P., de Bono B., Della Gatta G.,
RA   di Bernardo D., Down T., Engstrom P., Fagiolini M., Faulkner G.,
RA   Fletcher C.F., Fukushima T., Furuno M., Futaki S., Gariboldi M.,
RA   Georgii-Hemming P., Gingeras T.R., Gojobori T., Green R.E.,
RA   Gustincich S., Harbers M., Hayashi Y., Hensch T.K., Hirokawa N.,
RA   Hill D., Huminiecki L., Iacono M., Ikeo K., Iwama A., Ishikawa T.,
RA   Jakt M., Kanapin A., Katoh M., Kawasawa Y., Kelso J., Kitamura H.,
RA   Kitano H., Kollias G., Krishnan S.P., Kruger A., Kummerfeld S.K.,
RA   Kurochkin I.V., Lareau L.F., Lazarevic D., Lipovich L., Liu J.,
RA   Liuni S., McWilliam S., Madan Babu M., Madera M., Marchionni L.,
RA   Matsuda H., Matsuzawa S., Miki H., Mignone F., Miyake S., Morris K.,
RA   Mottagui-Tabar S., Mulder N., Nakano N., Nakauchi H., Ng P.,
RA   Nilsson R., Nishiguchi S., Nishikawa S., Nori F., Ohara O.,
RA   Okazaki Y., Orlando V., Pang K.C., Pavan W.J., Pavesi G., Pesole G.,
RA   Petrovsky N., Piazza S., Reed J., Reid J.F., Ring B.Z., Ringwald M.,
RA   Rost B., Ruan Y., Salzberg S.L., Sandelin A., Schneider C.,
RA   Schonbach C., Sekiguchi K., Semple C.A., Seno S., Sessa L., Sheng Y.,
RA   Shibata Y., Shimada H., Shimada K., Silva D., Sinclair B.,
RA   Sperling S., Stupka E., Sugiura K., Sultana R., Takenaka Y., Taki K.,
RA   Tammoja K., Tan S.L., Tang S., Taylor M.S., Tegner J., Teichmann S.A.,
RA   Ueda H.R., van Nimwegen E., Verardo R., Wei C.L., Yagi K.,
RA   Yamanishi H., Zabarovsky E., Zhu S., Zimmer A., Hide W., Bult C.,
RA   Grimmond S.M., Teasdale R.D., Liu E.T., Brusic V., Quackenbush J.,
RA   Wahlestedt C., Mattick J.S., Hume D.A., Kai C., Sasaki D., Tomaru Y.,
RA   Fukuda S., Kanamori-Katayama M., Suzuki M., Aoki J., Arakawa T.,
RA   Iida J., Imamura K., Itoh M., Kato T., Kawaji H., Kawagashira N.,
RA   Kawashima T., Kojima M., Kondo S., Konno H., Nakano K., Ninomiya N.,
RA   Nishio T., Okada M., Plessy C., Shibata K., Shiraki T., Suzuki S.,
RA   Tagami M., Waki K., Watahiki A., Okamura-Oho Y., Suzuki H., Kawai J.,
RA   Hayashizaki Y.;
RT   "The transcriptional landscape of the mammalian genome.";
RL   Science 309:1559-1563(2005).
RN   [3]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Cerebellum;
RX   PubMed=16141073; DOI=10.1126/science.1112009;
RG   RIKEN Genome Exploration Research Group, and Genome Science Group
RG   (Genome Network Core Team) and the FANTOM Consortium;
RT   "Antisense Transcription in the Mammalian Transcriptome.";
RL   Science 309:1564-1566(2005).
RN   [4]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Cerebellum;
RX   MEDLINE=22354683; PubMed=12466851; DOI=10.1038/nature01266;
RA   Okazaki Y., Furuno M., Kasukawa T., Adachi J., Bono H., Kondo S.,
RA   Nikaido I., Osato N., Saito R., Suzuki H., Yamanaka I., Kiyosawa H.,
RA   Yagi K., Tomaru Y., Hasegawa Y., Nogami A., Schonbach C., Gojobori T.,
RA   Baldarelli R., Hill D.P., Bult C., Hume D.A., Quackenbush J.,
RA   Schriml L.M., Kanapin A., Matsuda H., Batalov S., Beisel K.W.,
RA   Blake J.A., Bradt D., Brusic V., Chothia C., Corbani L.E., Cousins S.,
RA   Dalla E., Dragani T.A., Fletcher C.F., Forrest A., Frazer K.S.,
RA   Gaasterland T., Gariboldi M., Gissi C., Godzik A., Gough J.,
RA   Grimmond S., Gustincich S., Hirokawa N., Jackson I.J., Jarvis E.D.,
RA   Kanai A., Kawaji H., Kawasawa Y., Kedzierski R.M., King B.L.,
RA   Konagaya A., Kurochkin I.V., Lee Y., Lenhard B., Lyons P.A.,
RA   Maglott D.R., Maltais L., Marchionni L., McKenzie L., Miki H.,
RA   Nagashima T., Numata K., Okido T., Pavan W.J., Pertea G., Pesole G.,
RA   Petrovsky N., Pillai R., Pontius J.U., Qi D., Ramachandran S.,
RA   Ravasi T., Reed J.C., Reed D.J., Reid J., Ring B.Z., Ringwald M.,
RA   Sandelin A., Schneider C., Semple C.A., Setou M., Shimada K.,
RA   Sultana R., Takenaka Y., Taylor M.S., Teasdale R.D., Tomita M.,
RA   Verardo R., Wagner L., Wahlestedt C., Wang Y., Watanabe Y., Wells C.,
RA   Wilming L.G., Wynshaw-Boris A., Yanagisawa M., Yang I., Yang L.,
RA   Yuan Z., Zavolan M., Zhu Y., Zimmer A., Carninci P., Hayatsu N.,
RA   Hirozane-Kishikawa T., Konno H., Nakamura M., Sakazume N., Sato K.,
RA   Shiraki T., Waki K., Kawai J., Aizawa K., Arakawa T., Fukuda S.,
RA   Hara A., Hashizume W., Imotani K., Ishii Y., Itoh M., Kagawa I.,
RA   Miyazaki A., Sakai K., Sasaki D., Shibata K., Shinagawa A.,
RA   Yasunishi A., Yoshino M., Waterston R., Lander E.S., Rogers J.,
RA   Birney E., Hayashizaki Y.;
RT   "Analysis of the mouse transcriptome based on functional annotation of
RT   60,770 full-length cDNAs.";
RL   Nature 420:563-573(2002).
RN   [5]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Cerebellum;
RX   MEDLINE=21085660; PubMed=11217851; DOI=10.1038/35055500;
RA   Kawai J., Shinagawa A., Shibata K., Yoshino M., Itoh M., Ishii Y.,
RA   Arakawa T., Hara A., Fukunishi Y., Konno H., Adachi J., Fukuda S.,
RA   Aizawa K., Izawa M., Nishi K., Kiyosawa H., Kondo S., Yamanaka I.,
RA   Saito T., Okazaki Y., Gojobori T., Bono H., Kasukawa T., Saito R.,
RA   Kadota K., Matsuda H.A., Ashburner M., Batalov S., Casavant T.,
RA   Fleischmann W., Gaasterland T., Gissi C., King B., Kochiwa H.,
RA   Kuehl P., Lewis S., Matsuo Y., Nikaido I., Pesole G., Quackenbush J.,
RA   Schriml L.M., Staubli F., Suzuki R., Tomita M., Wagner L., Washio T.,
RA   Sakai K., Okido T., Furuno M., Aono H., Baldarelli R., Barsh G.,
RA   Blake J., Boffelli D., Bojunga N., Carninci P., de Bonaldo M.F.,
RA   Brownstein M.J., Bult C., Fletcher C., Fujita M., Gariboldi M.,
RA   Gustincich S., Hill D., Hofmann M., Hume D.A., Kamiya M., Lee N.H.,
RA   Lyons P., Marchionni L., Mashima J., Mazzarelli J., Mombaerts P.,
RA   Nordone P., Ring B., Ringwald M., Rodriguez I., Sakamoto N.,
RA   Sasaki H., Sato K., Schoenbach C., Seya T., Shibata Y., Storch K.-F.,
RA   Suzuki H., Toyo-oka K., Wang K.H., Weitz C., Whittaker C., Wilming L.,
RA   Wynshaw-Boris A., Yoshida K., Hasegawa Y., Kawaji H., Kohtsuki S.,
RA   Hayashizaki Y.;
RT   "Functional annotation of a full-length mouse cDNA collection.";
RL   Nature 409:685-690(2001).
RN   [6]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Cerebellum;
RX   MEDLINE=20499374; PubMed=11042159; DOI=10.1101/gr.145100;
RA   Carninci P., Shibata Y., Hayatsu N., Sugahara Y., Shibata K., Itoh M.,
RA   Konno H., Okazaki Y., Muramatsu M., Hayashizaki Y.;
RT   "Normalization and subtraction of cap-trapper-selected cDNAs to
RT   prepare full-length cDNA libraries for rapid discovery of new genes.";
RL   Genome Res. 10:1617-1630(2000).
RN   [7]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Cerebellum;
RX   MEDLINE=20530913; PubMed=11076861; DOI=10.1101/gr.152600;
RA   Shibata K., Itoh M., Aizawa K., Nagaoka S., Sasaki N., Carninci P.,
RA   Konno H., Akiyama J., Nishi K., Kitsunai T., Tashiro H., Itoh M.,
RA   Sumi N., Ishii Y., Nakamura S., Hazama M., Nishine T., Harada A.,
RA   Yamamoto R., Matsumoto H., Sakaguchi S., Ikegami T., Kashiwagi K.,
RA   Fujiwake S., Inoue K., Togawa Y., Izawa M., Ohara E., Watahiki M.,
RA   Yoneda Y., Ishikawa T., Ozawa K., Tanaka T., Matsuura S., Kawai J.,
RA   Okazaki Y., Muramatsu M., Inoue Y., Kira A., Hayashizaki Y.;
RT   "RIKEN integrated sequence analysis (RISA) system-384-format
RT   sequencing pipeline with 384 multicapillary sequencer.";
RL   Genome Res. 10:1757-1771(2000).
RN   [8]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Cerebellum;
RA   Adachi J., Aizawa K., Akimura T., Arakawa T., Bono H., Carninci P.,
RA   Fukuda S., Furuno M., Hanagaki T., Hara A., Hashizume W.,
RA   Hayashida K., Hayatsu N., Hiramoto K., Hiraoka T., Hirozane T.,
RA   Hori F., Imotani K., Ishii Y., Itoh M., Kagawa I., Kasukawa T.,
RA   Katoh H., Kawai J., Kojima Y., Kondo S., Konno H., Kouda M., Koya S.,
RA   Kurihara C., Matsuyama T., Miyazaki A., Murata M., Nakamura M.,
RA   Nishi K., Nomura K., Numazaki R., Ohno M., Ohsato N., Okazaki Y.,
RA   Saito R., Saitoh H., Sakai C., Sakai K., Sakazume N., Sano H.,
RA   Sasaki D., Shibata K., Shinagawa A., Shiraki T., Sogabe Y., Tagami M.,
RA   Tagawa A., Takahashi F., Takaku-Akahira S., Takeda Y., Tanaka T.,
RA   Tomaru A., Toya T., Yasunishi A., Muramatsu M., Hayashizaki Y.;
RL   Submitted (JUL-2001) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; AK048860; BAC33475.1; -; mRNA.
DR   HSSP; P16157; 1N11.
DR   Ensembl; ENSMUSG00000031529; Mus musculus.
DR   MGI; MGI:1341087; Tnks.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   InterPro; IPR001290; PARP.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   InterPro; IPR011510; SAM_2.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 15.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 12.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 12.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ANK repeat; Repeat.
SQ   SEQUENCE   976 AA;  106663 MW;  356B10CE9C33ECF1 CRC64;

  Query Match             74.1%;  Score 4136.5;  DB 2;  Length 976;
  Best Local Similarity   81.7%;  Pred. No. 5.1e-236;
  Matches  770;  Conservative   87;  Mismatches   71;  Indels   15;  Gaps    3;

Qy        128 MALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACS 187
              |||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||| |||||||||
Db          1 MALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACS 60

Qy        188 YGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSA 247
              ||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||:||| |||
Db         61 YGHYEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSHGADPTLVNCHGKSA 120

Qy        248 IDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAA 307
              :|:||||:|:||| ||||||||||||||||: ::|| |:||::||| ||:|||||||| |
Db        121 VDMAPTPELRERLTYEFKGHSLLQAAREADLAKVKKTLALEIINFKQPQSHETALHCAVA 180

Qy        308 SPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLG 367
              | :|||||: |||||||||:||| |:|:||||||:|:|||||:||: || ||:||||:||
Db        181 SLHPKRKQVAELLLRKGANVNEKNKDFMTPLHVAAERAHNDVMEVLHKHGAKMNALDSLG 240

Qy        368 QTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEAD 427
              ||:|||||  ||||||||||||| ||:||||||||| ||||| |||:| |   :  |: |
Db        241 QTALHRAALAGHLQTCRLLLSYGSDPSIISLQGFTAAQMGNEAVQQILSESTPMRTSDVD 300

Qy        428 RQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVH 487
               :||||:||||:||||:||: |:|||||:||| |||||||||||||||||||| ||||||
Db        301 YRLLEASKAGDLETVKQLCSPQNVNCRDLEGRHSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLHHGADVH 360

Qy        488 AKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQ 547
              ||||||||||||||||||||||||||:||| ||||||||||||||||||||||||||||:
Db        361 AKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLK 420

Qy        548 HGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCR 607
              ||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||:|| :|:|:|||
Db        421 HGADPTKKNRDGNTPLDLVKEGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVQKLCTPENINCR 480

Qy        608 DTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIK 667
              |||||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||:||||||
Db        481 DTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDIAALLIK 540

Qy        668 YNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSAL 727
              || ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||| :|||: ||
Db        541 YNTCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTMKNQEGQTPLDLATADDIRAL 600

Qy        728 LTAAMPPSALPSCYKPQ---VLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSE 784
              |  |||| |||:|:|||   |   | || :|          || ||||||:|||:|  ::
Db        601 LIDAMPPEALPTCFKPQATVVSASVISPAST----------PSCLSAASSIDNLTGPLTD 650

Qy        785 LSSVVSSSGTEGASSLEKK--EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMG 842
              |:   :|:  :||:  |:|  || |:| :| ||:::|||||| |||| |||||||| :||
Db        651 LAVGGASNAGDGAAGAERKEGEVAGLDMNIIQFLKSLGLEHLRDIFETEQITLDVLADMG 710

Qy        843 HKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSV 902
              |:|||||||||||||||||||||||: |||| ||||| :    ||||:||:|:|||:|||
Db        711 HEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQGTNPYLTFHCVNQGTILLDLAPEDKEYQSV 770

Qy        903 EEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERM 962
              |||||||:|||||||:|||||||||:::|||| |||| ||: ||:|||||||||| ||||
Db        771 EEEMQSTIREHRDGGNAGGIFNRYNVIRIQKVVNKKLRERFCHRQKEVSEENHNHHNERM 830

Qy        963 LFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRS 1022
              |||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Db        831 LFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPTHKDRS 890

Qy       1023 CYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||:||||||||||||||| |||||:||||||| |||||
Db        891 CYICHRQMLFCRVTLGKSFLQFSTMKMAHAPPGHHSVIGRPSV 933
```

```
RESULT 11
Q7PYH8_ANOGA
ID   Q7PYH8_ANOGA   PRELIMINARY;   PRT;  1168 AA.
AC   Q7PYH8;
DT   15-DEC-2003, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   06-DEC-2005, sequence version 2.
DT   07-FEB-2006, entry version 21.
DE   ENSANGP00000018360.
GN   ORFNames=ENSANGG00000015871;
OS   Anopheles gambiae str. PEST.
OC   Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Hexapoda; Insecta; Pterygota;
OC   Neoptera; Endopterygota; Diptera; Nematocera; Culicoidea; Culicidae;
OC   Anophelinae; Anopheles.
OX   NCBI_TaxID=180454;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=PEST;
RG   The Anopheles gambiae Sequence Committee;
RT   "Anopheles gambiae re-annotation.";
RL   Submitted (APR-2002) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
RN   [2]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=PEST;
RG   The Anopheles gambiae Sequence Committee;
RL   Submitted (APR-2004) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -!- CAUTION: The sequence shown here is derived from an
CC       EMBL/GenBank/DDBJ whole genome shotgun (WGS) entry which is
CC       preliminary data.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; AAAB01008987; EAA01120.2; -; Genomic_DNA.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
KW   ANK repeat; Repeat.
SQ   SEQUENCE   1168 AA;  126988 MW;  0386A4161210012B CRC64;

  Query Match             68.9%;  Score 3849;  DB 2;  Length 1168;
  Best Local Similarity   66.5%;  Pred. No. 7.2e-219;
  Matches  730;  Conservative  146;  Mismatches  152;  Indels   70;  Gaps    9;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              |:||:||||:|| ||||:|||||||| |||||||||||:|| |||  ||:|| |||||||
Db         66 GYGRRDVVEFLLANGASIQARDDGGLHPLHNACSFGHADVVRLLLEAGANPNTRDNWNYT 125

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              |||||| |||||||| ||||||:|:|||:: :  ||||||  : ||||||:||||||:||
Db        126 PLHEAASKGKIDVCIALLQHGADPSIRNSENKIPLDLADPCTRPVLTGEYRKDELLEAAR 185

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||:||::: ||||||||||              ||||:::||:|||||||||||||| ||
Db        186 SGSEERLLELLTPLNVNCH--------------GYNRIRVVQILLQHGADVHAKDKGGLV 231

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||:||||||:|||  ||| ||| ||||||||||:|||||||||| |||||||
Db        232 PLHNACSYGHFEVTELLIKHGGNVNANDLWAFTPLHEAASKSRVEVCSLLLSEGADPTLL 291

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||| ||| :|:|::|||:||| :| | |:||: |:||:|: | ||| || : :|
Db        292 NCHNKSAIDSAPTRELQEKIAYEYKGHCVLDACRQADIQRLKKNLTTETVNFVHPYSGDT 351

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
               :|  | | ||||||: |:|:|||| :||| |:||||||:|:: :| ::::|:::| |||
Db        352 PVHAVAQSVYPKRKQVLEVLIRKGALLNEKNKDFLTPLHIAADNSHYELMDVLLRHGAKV 411

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              :||| ||||:||| |   ::| |||||||| | :|:||||:|| |:  ||| ::||:  |
Db        412 DALDGLGQTALHRCAREDNIQACRLLLSYGIDISIVSLQGYTAAQLATENVLKILQDPPS 471

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKK--LCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEY 478
```

```
                   : : ||||||||||::||::  | :  :|||||::|| ||||||||||||| |||:
Db        472 -DTVDLECQLLEAAKAGDLDTVRRIVLSSPMTVNCRDLDGRHSTPLHFAAGYNRVPVVEF 530

Qy        479 LLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGK 538
              ||:|||:||| ||||||||||||||||||| |||||||| ||||||||||||||||||||
Db        531 LLEHGAEVHASDKGGLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGANVNVADLWKFTPLHEAAAKGK 590

Qy        539 YEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKL 598
              ||| |||::|||| ||||||| ||||||::|| |: |||||:|||||||||| ||||::|
Db        591 YEIVKLLIKHGADVTKKNRDGATPLDLVREGDQDVADLLRGNAALLDAAKKGNLARVQRL 650

Qy        599 SSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGH 658
               | ||:|||| |||:||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||||:||||
Db        651 VSADNINCRDAQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGLIPLHNASSYGH 710

Qy        659 VDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL 718
              :|:||||||:|  ||||||| :|||||||||||||||:||||||||| :||||||| |||
Db        711 LDIAALLIKHNTVVNATDKWGYTPLHEAAQKGRTQLCSLLLAHGADPFMKNQEGQTSLDL 770

Qy        719 VSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNL 778
               :|:||  ||  ||            | :     | ||    :| |    |||  :|  |
Db        771 ATAEDVKCLLQDAM------------VASQGTVAGGTAAGAGAGTSQGGILSANGTL--L 816

Qy        779 SGSFSELSSVVS----------------------SSGTEGASSL-----------EKKEVPG 807
              : | |  :  |:                      |  :|| :           :   ||
Db        817 ATSCSPTTETVTLPTGASMTLSVPVPQLPVRSCLSPAQGAEANVDGIVVDHDDKMPSVPS 876

Qy        808 VDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERL 867
              :: |:: |: :| ||||:|:|||||||:|:| ||||::||::|::||| |||::||:  |
Db        877 IESSVSVFLTSLQLEHLIDLFEREQITMDILAEMGHEDLKQVGVSAYGFRHKILKGIATL 936

Qy        868 -ISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRY 926
                :   || |         ||:|:|| |||||| :||||||:|:||||| ||:|| ||||
Db        937 RATTGLGLTP-------NPGTLLVDLLPDDKEFLAVEEEMQATIREHRDNGHSGGYFNRY 989

Qy        927 NILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIG 986
              ||::|||| |:|||||| |||:|:|||| : |:||||||||||:|||::|||||||||||
Db        990 NIVRIQKVQNRKLWERYVHRRQEISEENGHQASERMLFHGSPFINAIVQKGFDERHAYIG 1049

Qy        987 GMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSA 1046
              |||||||||||:|||||||||||||| ||| |||:||| |||||| ||| ||||||||||
Db       1050 GMFGAGIYFAEHSSKSNQYVYGIGGGIGCPTHKDKSCYQCHRQLLLCRVALGKSFLQFSA 1109

Qy       1047 MKMAHSPPGHHSVTGRPS 1064
              |||||:||||||| ||||
Db       1110 MKMAHAPPGHHSVIGRPS 1127

RESULT 12
Q9VBP3_DROME
ID   Q9VBP3_DROME   PRELIMINARY;   PRT;   1181 AA.
AC   Q9VBP3;
DT   01-MAY-2000, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   01-MAY-2000, sequence version 1.
DT   07-FEB-2006, entry version 32.
DE   CG4719-PA.
GN   Name=tankyrase; ORFNames=Dmel_CG4719;
OS   Drosophila melanogaster (Fruit fly).
OC   Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Hexapoda; Insecta; Pterygota;
OC   Neoptera; Endopterygota; Diptera; Brachycera; Muscomorpha;
OC   Ephydroidea; Drosophilidae; Drosophila.
OX   NCBI_TaxID=7227;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RX   MEDLINE=20196006; PubMed=10731132; DOI=10.1126/science.287.5461.2185;
RA   Adams M.D., Celniker S.E., Holt R.A., Evans C.A., Gocayne J.D.,
RA   Amanatides P.G., Scherer S.E., Li P.W., Hoskins R.A., Galle R.F.,
RA   George R.A., Lewis S.E., Richards S., Ashburner M., Henderson S.N.,
RA   Sutton G.G., Wortman J.R., Yandell M.D., Zhang Q., Chen L.X.,
RA   Brandon R.C., Rogers Y.-H.C., Blazej R.G., Champe M., Pfeiffer B.D.,
RA   Wan K.H., Doyle C., Baxter E.G., Helt G., Nelson C.R., Miklos G.L.G.,
RA   Abril J.F., Agbayani A., An H.-J., Andrews-Pfannkoch C., Baldwin D.,
RA   Ballew R.M., Basu A., Baxendale J., Bayraktaroglu L., Beasley E.M.,
RA   Beeson K.Y., Benos P.V., Berman B.P., Bhandari D., Bolshakov S.,
RA   Borkova D., Botchan M.R., Bouck J., Brokstein P., Brottier P.,
RA   Burtis K.C., Busam D.A., Butler H., Cadieu E., Center A., Chandra I.,
RA   Cherry J.M., Cawley S., Dahlke C., Davenport L.B., Davies P.,
RA   de Pablos B., Delcher A., Deng Z., Mays A.D., Dew I., Dietz S.M.,
RA   Dodson K., Doup L.E., Downes M., Dugan-Rocha S., Dunkov B.C., Dunn P.,
RA   Durbin K.J., Evangelista C.C., Ferraz C., Ferriera S., Fleischmann W.,
RA   Fosler C., Gabrielian A.E., Garg N.S., Gelbart W.M., Glasser K.,
RA   Glodek A., Gong F., Gorrell J.H., Gu Z., Guan P., Harris M.,
RA   Harris N.L., Harvey D.A., Heiman T.J., Hernandez J.R., Houck J.,
RA   Hostin D., Houston K.A., Howland T.J., Wei M.-H., Ibegwam C.,
RA   Jalali M., Kalush F., Karpen G.H., Ke Z., Kennison J.A., Ketchum K.A.,
RA   Kimmel B.E., Kodira C.D., Kraft C., Kravitz S., Kulp D., Lai Z.,
RA   Lasko P., Lei Y., Levitsky A.A., Li J.H., Li Z., Liang Y., Lin X.,
RA   Liu X., Mattei B., McIntosh T.C., McLeod M.P., McPherson D.,
RA   Merkulov G., Milshina N.V., Mobarry C., Morris J., Moshrefi A.,
RA   Mount S.M., Moy M., Murphy B., Murphy L., Muzny D.M., Nelson D.L.,
RA   Nelson D.R., Nelson K.A., Nixon K., Nusskern D.R., Pacleb J.M.,
RA   Palazzolo M., Pittman G.S., Pan S., Pollard J., Puri V., Reese M.G.,
RA   Reinert K., Remington K., Saunders R.D.C., Scheeler F., Shen H.,
RA   Shue B.C., Siden-Kiamos I., Simpson M., Skupski M.P., Smith T.,
RA   Spier E., Spradling A.C., Stapleton M., Strong R., Sun E.,
RA   Svirskas R., Tector C., Turner R., Venter E., Wang A.H., Wang X.,
RA   Wang Z.-Y., Wassarman D.A., Weinstock G.M., Weissenbach J.,
RA   Williams S.M., Woodage T., Worley K.C., Wu D., Yang S., Yao Q.A.,
RA   Ye J., Yeh R.-F., Zaveri J.S., Zhan M., Zhang G., Zhao Q., Zheng L.,
RA   Zheng X.H., Zhong F.N., Zhong W., Zhou X., Zhu S., Zhu X., Smith H.O.,
RA   Gibbs R.A., Myers E.W., Rubin G.M., Venter J.C.;
RT   "The genome sequence of Drosophila melanogaster.";
RL   Science 287:2185-2195(2000).
RN   [2]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RX   MEDLINE=22426065; PubMed=12537568;
RA   Celniker S.E., Wheeler D.A., Kronmiller B., Carlson J.W., Halpern A.,
RA   Patel S., Adams M., Champe M., Dugan S.P., Frise E., Hodgson A.,
RA   George R.A., Hoskins R.A., Laverty T., Muzny D.M., Nelson C.R.,
RA   Pacleb J.M., Park S., Pfeiffer B.D., Richards S., Sodergren E.J.,
RA   Svirskas R., Tabor P.E., Wan K., Stapleton M., Sutton G.G., Venter C.,
RA   Weinstock G., Scherer S.E., Myers E.W., Gibbs R.A., Rubin G.M.;
RT   "Finishing a whole-genome shotgun: release 3 of the Drosophila
RT   melanogaster euchromatic genome sequence.";
RL   Genome Biol. 3:RESEARCH0079-RESEARCH0079(2002).
RN   [3]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RX   MEDLINE=22426070; PubMed=12537573;
RA   Kaminker J.S., Bergman C.M., Kronmiller B., Carlson J.W., Svirskas R.,
RA   Patel S., Frise E., Wheeler D.A., Lewis S.E., Rubin G.M.,
RA   Ashburner M., Celniker S.E.;
RT   "The transposable elements of the Drosophila melanogaster euchromatin:
RT   a genomics perspective.";
RL   Genome Biol. 3:RESEARCH0084.1-RESEARCH0084.20(2002).
RN   [4]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RX   MEDLINE=22426069; PubMed=12537572;
RA   Misra S., Crosby M.A., Mungall C.J., Matthews B.B., Campbell K.S.,
RA   Hradecky P., Huang Y., Kaminker J.S., Millburn G.H., Prochnik S.E.,
RA   Smith C.D., Tupy J.L., Whitfield E.J., Bayraktaroglu L., Berman B.P.,
RA   Bettencourt B.R., Celniker S.E., de Grey A.D.N.J., Drysdale R.A.,
RA   Harris N.L., Richter J., Russo S., Schroeder A.J., Shu S.Q.,
RA   Stapleton M., Yamada C., Ashburner M., Gelbart W.M., Rubin G.M.,
RA   Lewis S.E.;
RT   "Annotation of the Drosophila melanogaster euchromatic genome: a
RT   systematic review.";
RL   Genome Biol. 3:RESEARCH0083.1-RESEARCH0083.22(2002).
RN   [5]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RG   Berkeley Drosophila Genome Project;
RA   Celniker S., Carlson J., Wan K., Pfeiffer B., Frise E., George R.,
RA   Hoskins R., Stapleton M., Pacleb J., Park S., Svirskas R., Smith E.,
RA   Yu C., Rubin G.;
RT   "Drosophila melanogaster release 4 sequence.";
RL   Submitted (MAR-2000) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
RN   [6]
```

```
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RG   FlyBase;
RL   Submitted (JAN-2006) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; AE003752; AAF56487.1; -; Genomic_DNA.
DR   HSSP; P20749; 1K1B.
DR   FlyBase; FBgn0027508; tankyrase.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   InterPro; IPR001290; PARP.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   InterPro; IPR011510; SAM_2.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 17.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 15.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 14.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ANK repeat; Repeat.
SQ   SEQUENCE   1181 AA;  127945 MW;  EB6F0F94E6A3D504 CRC64;

  Query Match             66.4%;  Score 3706.5;  DB 2;  Length 1181;
  Best Local Similarity   65.4%;  Pred. No. 2e-210;
  Matches  717;  Conservative  151;  Mismatches  174;  Indels   55;  Gaps   12;

Qy        1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
            |:||::|||:|| :|||:|| |:||| |||| ||||||||| |||: || ||  ||||||
Db       66 GYGRREVVEFLLNSGASIQACDEGGLHPLHNCCSFGHAEVVRLLLKAGASPNTTDNWNYT 125

Qy       61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
            |||||| |||:|||: ||||||  ||||:: :| |:||| : : ||||||:||||||:||
Db      126 PLHEAASKGKVDVCLALLQHGANHTIRNSEQKTPLELADEATRPVLTGEYRKDELLEAAR 185

Qy      121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
            || |::::||||||||||||||||:||||||||||||: ||::|| :|||||||||| ||
Db      186 SGAEDRLLALLTPLNVNCHASDGRRSTPLHLAAGYNRIGIVEILLANGADVHAKDKGGLV 245

Qy      181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
            ||||||||||::||:||:: || ||| ||| ||||||||||:|||||||||| |||||||
Db      246 PLHNACSYGHFDVTKLLIQAGANVNANDLWAFTPLHEAASKSRVEVCSLLLSRGADPTLL 305

Qy      241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
            |||:||||| ||| :|:||:|:|:||| || | |: ||:| || :  |:||| || | :|
Db      306 NCHSKSAIDAAPTRELRERIAFEYKGHCLLDACRKCDVSRAKKLVCAEIVNFVHPYTGDT 365

Qy      301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
             || |  ||  ||||: ||| |||: :||| | ||||||:|:|  | | :||::|  |||
Db      366 PLHLAVVSPDGKRKQLMELLTRKGSLLNEKNKAFLTPLHLAAELLHYDAMEVLLKQGAKV 425

Qy      361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
            ||||:|||| ||| |     |  ||||||  | ||:||:| || |: :::| :||:
Db      426 NALDSLGQTPLHRCA--RDEQAVRLLLSYAADTNIVSLEGLTAAQLASDSVLKLLK---- 479

Qy      421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQ--SVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEY 478
                :::  |||||||||::||:::      ||||||::|| |||||||||:||| ||::
Db      480 -NPPDSETHLLEAAKAGDLDTVRRIVLNNPISVNCRDLDGRHSTPLHFAAGFNRVPVVQF 538

Qy      479 LLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGK 538
            ||:|||:|:| ||||||||||||||||||| |||||||| |||:||||||||||||||||
Db      539 LLEHGAEVYAADKGGLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGANVNVSDLWKFTPLHEAAAKGK 598

Qy      539 YEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKL 598
            |:||||||:||||| |||||| || ||||: | |: :|||| :||||||||| ||||::|
Db      599 YDICKLLLKHGADPMKKNRDGATPADLVKESDHDVAELLRGPSALLDAAKKGNLARVQRL 658

Qy      599 SSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGH 658
             :|:::|||| |||:|||||||||||| | |||||::||||||||||||||||||:||||
Db      659 VTPESINCRDAQGRNSTPLHLAAGYNNFECAEYLLENGADVNAQDKGGLIPLHNASSYGH 718

Qy      659 VDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL 718
            :|:||||||:   ||||||| ||||||||||||||||:||||||||  :||||||||::|
Db      719 LDIAALLIKHKTVVNATDKWGFTPLHEAAQKGRTQLCSLLLAHGADAYMKNQEGQTPIEL 778

Qy      719 VSADDVSALLTAAMPPS----ALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSS--LSAA 772
             :||||  ||  ||  |    || |     : :   :| ||| |     || ||  ||
Db      779 ATADDVKCLLQDAMATSLSQQAL-SASTQSLTSSSPAPDATAAAAPGTSSSSSSAILSPT 837

Qy      773 SSLDNLSGSFSELSSV-----VSSS------------GTEGASSLEKKEVPGVD--FSIT 813
            :    |    | : ||     :|||            | ||:|| :   :|  |   :::
Db      838 TETVLLPTGASMILSVPVPLPLSSSTRISPAQGAEANGAEGSSSDDL--LPDADTITNVS 895

Qy      814 QFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQG 873
             |: :  | ||:::|||||||||:| |||| :||::|::||| |||::||: :| |
Db      896 GFLSSQQLHHLIELFEREQITLDILAEMGHDDLKQVGVSAYGFRHKILKGIAQLRS---- 951

Qy      874 LNPYLTLNTSGSG------TILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYN 927
                    |:| |      |:|:|| |||||| :||||||:|:||||| | ||| | |||
Db      952 --------TTGIGNNVNLCTLLVDLLPDDKEFVAVEEEMQATIREHRDNGQAGGYFTRYN 1003

Qy      928 ILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGG 987
            |:::||| |:|||||| |||:|::|||   :|||||||||||:|||: :|||||||||||
Db     1004 IIRVQKVQNRKLWERYAHRRQEIAEENFLQSNERMLFHGSPFINAIVQRGFDERHAYIGG 1063

Qy      988 MFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAM 1047
            ||||||||||:|||||||||||||| ||| |||:|||:| |||| ||| |||||||:|||
Db     1064 MFGAGIYFAEHSSKSNQYVYGIGGGIGCPSHKDKSCYVCPRQLLLCRVALGKSFLQYSAM 1123

Qy     1048 KMAHSPPGHHSVTGRPS 1064
            ||||:||||||| ||||
Db     1124 KMAHAPPGHHSVVGRPS 1140


RESULT 13
Q9XZ37_DROME
ID   Q9XZ37_DROME   PRELIMINARY;   PRT;  1181 AA.
AC   Q9XZ37;
DT   01-NOV-1999, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   01-NOV-1999, sequence version 1.
DT   07-FEB-2006, entry version 26.
DE   Hypothetical protein.
GN   Name=tankyrase; ORFNames=CG4719;
OS   Drosophila melanogaster (Fruit fly).
OC   Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Hexapoda; Insecta; Pterygota;
OC   Neoptera; Endopterygota; Diptera; Brachycera; Muscomorpha;
OC   Ephydroidea; Drosophilidae; Drosophila.
OX   NCBI_TaxID=7227;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RA   Rubin G.M., Wan K.H., Harvey D., Lewis S.E., Brokstein P., Tsang G.,
RA   Agbayani A., Arcaina T.T., Baxter E., Blazej R.G., Butenhoff C.,
RA   Champe M., Chavez C., Chew M., Doyle C.M., Farfan D.E., Frise E.,
RA   Galle R., George R.A., Harris N.L., Hoskins R.A., Evans-Holm M.,
RA   Houston K.A., Hummasti S.R., Kim E., Li P., Moshrefi M., Pacleb J.M.,
RA   Park S., Sequeira A., Sethi H., Snir E., Svirskas R.R., Weinburg T.,
RA   Celniker S.E.;
RL   Submitted (MAR-1999) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; AF132196; AAD34784.1; -; mRNA.
DR   HSSP; P20749; 1K1B.
DR   FlyBase; FBgn0027508; tankyrase.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   InterPro; IPR001290; PARP.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   InterPro; IPR011510; SAM_2.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 17.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 15.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 14.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ANK repeat; Hypothetical protein; Repeat.
SQ   SEQUENCE   1181 AA;  127885 MW;  4E2BF31549BBA2D9 CRC64;

  Query Match             66.4%;  Score 3706.5;  DB 2;  Length 1181;
  Best Local Similarity   65.4%;  Pred. No. 2e-210;
  Matches  717;  Conservative  151;  Mismatches  174;  Indels   55;  Gaps   12;

Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              |:||::|||:|| :|||:|| |:||| |||| ||||||||| |||: || ||  ||||||
Db         66 GYGRREVVEFLLNSGASIQACDEGGLHPLHNCCSFGHAEVVRLLLKAGASPNTTDNWNYT 125

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              |||||| |||:|||: ||||||  ||||:: :| |:||| : : ||||||:||||||:||
Db        126 PLHEAASKGKVDVCLALLQHGANHTIRNSEQKTPLELADEATRPVLTGEYRKDELLEAAR 185

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              || |::::||||||||||||||||:||||||||||||: ||::|| :|||||||||| ||
Db        186 SGAEDRLLALLTPLNVNCHASDGRRSTPLHLAAGYNRIGIVEILLANGADVHAKDKGGLV 245

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||::||:||:: || ||| ||| ||||||||||:|||||||||| |||||||
Db        246 PLHNACSYGHFDVTKLLIQAGANVNANDLWAFTPLHEAASKSRVEVCSLLLSRGADPTLL 305

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              |||:||||| ||| :|:||:|:|:||| || | |: ||:| || :  |:||| || | :|
Db        306 NCHSKSAIDAAPTRELRERIAFEYKGHCLLDACRKCDVSRAKKLVCAEIVNFVHPYTGDT 365

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
               || |  ||  ||||: ||| |||: :||| | ||||||:|:|  | | :||::|  |||
Db        366 PLHLAVVSPDGKRKQLMELLTRKGSLLNEKNKAFLTPLHLAAELLHYDAMEVLLKQGAKV 425

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||:|||| ||| |     |  ||||||  | ||:||:| || |: :::| :||:    
Db        426 NALDSLGQTPLHRCA--RDEQAVRLLLSYAADTNIVSLEGLTAAQLASDSVLKLLK---- 479

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQ--SVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEY 478
                  :::  |||||||||::||:::      ||||||::|| |||||||||:|||  ||::
Db        480 -NPPDSETHLLEAAKAGDLDTVRRIVLNNPISVNCRDLDGRHSTPLHFAAGFNRVPVVQF 538

Qy        479 LLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGK 538
              ||:|||:|:| ||||||||||||||||||| |||||||| |||:||||||||||||||||
Db        539 LLEHGAEVYAADKGGLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGANVNVSDLWKFTPLHEAAAKGK 598

Qy        539 YEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKL 598
              |:||||||:||||| |||||| || ||||: | |: :|||| :||||||||| ||||::|
Db        599 YDICKLLLKHGADPMKKNRDGATPADLVKESDHDVAELLRGPSALLDAAKKGNLARVQRL 658

Qy        599 SSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGH 658
               :|:::|||| |||:|||||||||||| | |||||::||||||||||||||||||:||||
Db        659 VTPESINCRDAQGRNSTPLHLAAGYNNFECAEYLLENGADVNAQDKGGLIPLHNASSYGH 718

Qy        659 VDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL 718
              :|:||||||:   ||||||| ||||||||||||||||:||||||||  :||||||||::|
Db        719 LDIAALLIKHKTVVNATDKWGFTPLHEAAQKGRTQLCSLLLAHGADAYMKNQEGQTPIEL 778

Qy        719 VSADDVSALLTAAMPPS----ALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSS--LSAA 772
               :||||  ||  ||  |    || |     : :   :| ||| |     || ||  ||  
Db        779 ATADDVKCLLQDAMATSLSQQAL-SASTQSLTSSSPAPDATAAAPGTSSSSSSSAILSPT 837

Qy        773 SSLDNLSGSFSELSSV-----VSSS------------GTEGASSLEKKEVPGVD--FSIT 813
              :    |    | : ||     :|||            | ||:|| :   :|  |   :::
Db        838 TETVLLPTGASMILSVPVPLPLSSSTRISPAQGAEANGAEGSSSDDL--LPDADTITNVS 895

Qy        814 QFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQG 873
               |: :  | ||:::|||||||||:| |||| :||::|::||| |||::||: :| |    
Db        896 GFLSSQQLHHLIELFEREQITLDILAEMGHDDLKQVGVSAYGFRHKILKGIAQLRS---- 951

Qy        874 LNPYLTLNTSGSG------TILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYN 927
                      |:| |      |:|:|| |||||| :||||||:|:||||| | ||| | |||
Db        952 --------TTGIGNNVNLCTLLVDLLPDDKEFVAVEEEMQATIREHRDNGQAGGYFTRYN 1003

Qy        928 ILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGG 987
              |:::||| |:|||||| |||:|::|||   :|||||||||||:|||: :|||||||||||
Db       1004 IIRVQKVQNRKLWERYAHRRQEIAEENFLQSNERMLFHGSPFINAIVQRGFDERHAYIGG 1063

Qy        988 MFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAM 1047
              ||||||||||:|||||||||||||| ||| |||:|||:| |||| ||| |||||||:|||
Db       1064 MFGAGIYFAEHSSKSNQYVYGIGGGIGCPSHKDKSCYVCPRQLLLCRVALGKSFLQYSAM 1123

Qy       1048 KMAHSPPGHHSVTGRPS 1064
              ||||:||||||| ||||
Db       1124 KMAHAPPGHHSVVGRPS 1140


RESULT 14
Q4S372_TETNG
ID   Q4S372_TETNG   PRELIMINARY;   PRT;  1047 AA.
AC   Q4S372;
DT   19-JUL-2005, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   19-JUL-2005, sequence version 1.
DT   07-FEB-2006, entry version 5.
DE   Chromosome 4 SCAF14752, whole genome shotgun sequence. (Fragment).
GN   ORFNames=GSTENG00024768001;
OS   Tetraodon nigroviridis (Green puffer).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Euteleostei; Neoteleostei;
OC   Acanthomorpha; Acanthopterygii; Percomorpha; Tetraodontiformes;
OC   Tetradontoidea; Tetraodontidae; Tetraodon.
OX   NCBI_TaxID=99883;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RX   PubMed=15496914; DOI=10.1038/nature03025;
RA   Jaillon O., Aury J.-M., Brunet F., Petit J.-L., Stange-Thomann N.,
RA   Mauceli E., Bouneau L., Fischer C., Ozouf-Costaz C., Bernot A.,
RA   Nicaud S., Jaffe D., Fisher S., Lutfalla G., Dossat C., Segurens B.,
RA   Dasilva C., Salanoubat M., Levy M., Boudet N., Castellano S.,
RA   Anthouard V., Jubin C., Castelli V., Katinka M., Vacherie B.,
RA   Biemont C., Skalli Z., Cattolico L., Poulain J., De Berardinis V.,
RA   Cruaud C., Duprat S., Brottier P., Coutanceau J.-P., Gouzy J.,
RA   Parra G., Lardier G., Chapple C., McKernan K.J., McEwan P., Bosak S.,
RA   Kellis M., Volff J.-N., Guigo R., Zody M.C., Mesirov J.,
RA   Lindblad-Toh K., Birren B., Nusbaum C., Kahn D., Robinson-Rechavi M.,
RA   Laudet V., Schachter V., Quetier F., Saurin W., Scarpelli C.,
RA   Wincker P., Lander E.S., Weissenbach J., Roest Crollius H.;
RT   "Genome duplication in the teleost fish Tetraodon nigroviridis reveals
RT   the early vertebrate proto-karyotype.";
RL   Nature 431:946-957(2004).
RN   [2]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RG   Genoscope; Whitehead Institute Centre for Genome Research;
RL   Submitted (FEB-2004) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -!- CAUTION: The sequence shown here is derived from an
CC       EMBL/GenBank/DDBJ whole genome shotgun (WGS) entry which is
CC       preliminary data.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; CAAE01014752; CAG04910.1; -; Genomic_DNA.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 13.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 9.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 10.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
KW   ANK repeat.
FT   NON_TER    1047   1047
SQ   SEQUENCE   1047 AA;  114477 MW;  09E9D3AE198C75E7 CRC64;

  Query Match             56.9%;  Score 3179;  DB 2;  Length 1047;
  Best Local Similarity   59.1%;  Pred. No. 3e-179;
  Matches  652;  Conservative   68;  Mismatches  134;  Indels  250;  Gaps   17;

Qy        108 GEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQH 167
              ||||||||||:||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||
Db         18 GEYKKDELLEAARSGNEEKLMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQH 77

Qy        168 GADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVK---------------------------- 199
              |||||||||| |||||||||||||||||||:|
Db         78 GADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVTELLLKVHTHTHTRAQTHTGCYEWTLARPLTLEA 137

Qy        200 ------HGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPT 253
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||:||::|:|||
Db        138 ETVSPQHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSHGADPTLLNCHSKSSVDMAPT 197

Qy        254 PQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKR 313
              |:||||| ||||||||||||||||| : || | ||::||||| ||||||
Db        198 PELKERLTYEFKGHSLLQAAREADVAKAKKSLVLEIINFKHPHTHETAL----------- 246

Qy        314 KQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEK----AHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQT 369
                                      || :: :    ||||::||: || ||||||| ||||
Db        247 ------------------------LHDSASRGCGGAHNDIMEVLQKHGAKVNALDTLGQT 282

Qy        370 SLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQ 429
              :|||||  ||| |||||| || | :::||||||| ||||| |||:| | : : ||: | :
Db        283 ALHRAAMAGHLHTCRLLLGYGADASLVSLQGFTAAQMGNEAVQQILSENVPVRNSDVDYR 342

Qy        430 LLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAK 489
              |||||||||::||| ||| |:|||||:||| |||||||||||||||||||| ||||||||
Db        343 LLEAAKAGDLDTVKSLCTPQNVNCRDLEGRHSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLHHGADVHAK 402

Qy        490 DKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHG 549
              ||||||||||||||||||||||||:||| ||||||||||||||||||||||||||||:||
Db        403 DKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLKHG 462

Qy        550 ADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDT 609
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|| ||||:|||||
Db        463 ADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVQKLCSPDNINCRDT 522

Qy        610 QGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYN 669
              |||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||:||||||:|
Db        523 QGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDIAALLIKHN 582

Qy        670 ACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS--------- 720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||::|||||||||| :
Db        583 TCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTMRNQEGQTPLDLATAPVVFRDQR 642

Qy        721 -------------ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPS 767
                           |||: |||  |||| ||||| |||         ||    | |
Db        643 MYDDSVSVPPPSQADDIRALLIDAMPPDALPSCLKPQ---------ATVVRWSGG----- 688

Qy        768 SLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVP---------GVDFSITQ---- 814
                      |   | :    :|:   | :          |         | |  : |
Db        689 --ECQHRCDRRRGHLAVPVAVLPVGGQQHRQPDHAPRRPHGGRGHRISGRDVRVRQEGGR 746

Qy        815 -FVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKEL-KEIGI--------------------- 851
               : |     |                   |: | :| |
Db        747 RYRRAFAAGH------------------DHQPLPEESGAGTPPRHLPERADFSPGRAGRH 788

Qy        852 ---NAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLN---------PYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEF 899
                  | | ||: ::   :   |:             | | |   |:
Db        789 GARRAEGDRHQRLRPPAQADQGHREAAGRTARWKPVPDLPLLRPGN-------------- 834

Qy        900 QSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWE------RYTHRRKEVSEE 953
                         |  | |    |:           ||     |      |:  ||: :
Db        835 -----------RPDRPGSRRQGV----------PVCGGGAAEHHPRAPRWERRRSLQPL 873

Qy        954 NHNHANERMLF--------------------HGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGI 993
               |:   :   |                     ||||:|||||||||||||||||||||||
Db        874 QHHQGVKAGCFRAADRDEPALTKVCFLLADSEGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGI 933

Qy        994 YFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICH------------RQLLFCRVTLGKSF 1041
              ||||||||||||||||||||||| |||||||:||            ||:|||||||||||
Db        934 YFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPAHKDRSCYVCHRSADVNGGCLCARQMLFCRVTLGKSF 993

Qy       1042 LQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              ||||||||||:||||||| |||||
Db        994 LQFSAMKMAHAPPGHHSVIGRPSV 1017

RESULT 15
Q3UES3_MOUSE
ID   Q3UES3_MOUSE    PRELIMINARY;    PRT;    589 AA.
AC   Q3UES3;
DT   11-OCT-2005, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   11-OCT-2005, sequence version 1.
DT   07-FEB-2006, entry version 6.
DE   Adult male liver tumor cDNA, RIKEN full-length enriched library,
DE   clone:C730001F05 product:Tankyrase 2 (EC 2.4.2.30) (TANK2) (Tankyrase
DE   II) (TNKS-2) (TRF1- interacting ankyrin-related ADP-ribose polymerase
DE   2) (Tankyrase-like protein) (Tankyrase-related protein) homolog
DE   (Fragment).
GN   Name=Tnks2;
OS   Mus musculus (Mouse).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia; Sciurognathi;
OC   Muroidea; Muridae; Murinae; Mus.
OX   NCBI_TaxID=10090;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Liver;
RX   MEDLINE=99279253; PubMed=10349636; DOI=10.1016/S0076-6879(99)03004-9;
RA   Carninci P., Hayashizaki Y.;
RT   "High-efficiency full-length cDNA cloning.";
RL   Methods Enzymol. 303:19-44(1999).
RN   [2]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Liver;
RX   PubMed=16141072; DOI=10.1126/science.1112014;
RA   Carninci P., Kasukawa T., Katayama S., Gough J., Frith M.C., Maeda N.,
RA   Oyama R., Ravasi T., Lenhard B., Wells C., Kodzius R., Shimokawa K.,
RA   Bajic V.B., Brenner S.E., Batalov S., Forrest A.R., Zavolan M.,
RA   Davis M.J., Wilming L.G., Aidinis V., Allen J.E.,
RA   Ambesi-Impiombato A., Apweiler R., Aturaliya R.N., Bailey T.L.,
RA   Bansal M., Baxter L., Beisel K.W., Bersano T., Bono H., Chalk A.M.,
RA   Chiu K.P., Choudhary V., Christoffels A., Clutterbuck D.R.,
RA   Crowe M.L., Dalla E., Dalrymple B.P., de Bono B., Della Gatta G.,
RA   di Bernardo D., Down T., Engstrom P., Fagiolini M., Faulkner G.,
RA   Fletcher C.F., Fukushima T., Furuno M., Futaki S., Gariboldi M.,
RA   Georgii-Hemming P., Gingeras T.R., Gojobori T., Green R.E.,
RA   Gustincich S., Harbers M., Hayashi Y., Hensch T.K., Hirokawa N.,
RA   Hill D., Huminiecki L., Iacono M., Ikeo K., Iwama A., Ishikawa T.,
RA   Jakt M., Kanapin A., Katoh M., Kawasawa Y., Kelso J., Kitamura H.,
RA   Kitano H., Kollias G., Krishnan S.P., Kruger A., Kummerfeld S.K.,
RA   Kurochkin I.V., Lareau L.F., Lazarevic D., Lipovich L., Liu J.,
RA   Liuni S., McWilliam S., Madan Babu M., Madera M., Marchionni L.,
RA   Matsuda H., Matsuzawa S., Miki H., Mignone F., Miyake S., Morris K.,
RA   Mottagui-Tabar S., Mulder N., Nakano N., Nakauchi H., Ng P.,
RA   Nilsson R., Nishiguchi S., Nishikawa S., Nori F., Ohara O.,
RA   Okazaki Y., Orlando V., Pang K.C., Pavan W.J., Pavesi G., Pesole G.,
RA   Petrovsky N., Piazza S., Reed J., Reid J.F., Ring B.Z., Ringwald M.,
RA   Rost B., Ruan Y., Salzberg S.L., Sandelin A., Schneider C.,
RA   Schonbach C., Sekiguchi K., Semple C.A., Seno S., Sessa L., Sheng Y.,
RA   Shibata Y., Shimada H., Shimada K., Silva D., Sinclair B.,
RA   Sperling S., Stupka E., Sugiura K., Sultana R., Takenaka Y., Taki K.,
RA   Tammoja K., Tan S.L., Tang S., Taylor M.S., Tegner J., Teichmann S.A.,
RA   Ueda H.R., van Nimwegen E., Verardo R., Wei C.L., Yagi K.,
RA   Yamanishi H., Zabarovsky E., Zhu S., Zimmer A., Hide W., Bult C.,
RA   Grimmond S.M., Teasdale R.D., Liu E.T., Brusic V., Quackenbush J.,
RA   Wahlestedt C., Mattick J.S., Hume D.A., Kai C., Sasaki D., Tomaru Y.,
RA   Fukuda S., Kanamori-Katayama M., Suzuki M., Aoki J., Arakawa T.,
RA   Iida J., Imamura K., Itoh M., Kato T., Kawaji H., Kawagashira N.,
RA   Kawashima T., Kojima M., Kondo S., Konno H., Nakano K., Ninomiya N.,
RA   Nishio T., Okada M., Plessy C., Shibata K., Shiraki T., Suzuki S.,
RA   Tagami M., Waki K., Watahiki A., Okamura-Oho Y., Suzuki H., Kawai J.,
RA   Hayashizaki Y.;
RT   "The transcriptional landscape of the mammalian genome.";
RL   Science 309:1559-1563(2005).
RN   [3]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Liver;
RX   PubMed=16141073; DOI=10.1126/science.1112009;
RG   RIKEN Genome Exploration Research Group, and Genome Science Group
RG   (Genome Network Core Team) and the FANTOM Consortium;
RT   "Antisense Transcription in the Mammalian Transcriptome.";
RL   Science 309:1564-1566(2005).
RN   [4]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Liver;
RX   MEDLINE=22354683; PubMed=12466851; DOI=10.1038/nature01266;
RA   Okazaki Y., Furuno M., Kasukawa T., Adachi J., Bono H., Kondo S.,
RA   Nikaido I., Osato N., Saito R., Suzuki H., Yamanaka I., Kiyosawa H.,
RA   Yagi K., Tomaru Y., Hasegawa Y., Nogami A., Schonbach C., Gojobori T.,
RA   Baldarelli R., Hill D.P., Bult C., Hume D.A., Quackenbush J.,
RA   Schriml L.M., Kanapin A., Matsuda H., Batalov S., Beisel K.W.,
RA   Blake J.A., Bradt D., Brusic V., Chothia C., Corbani L.E., Cousins S.,
RA   Dalla E., Dragani T.A., Fletcher C.F., Forrest A., Frazer K.S.,
RA   Gaasterland T., Gariboldi M., Gissi C., Godzik A., Gough J.,
RA   Grimmond S., Gustincich S., Hirokawa N., Jackson I.J., Jarvis E.D.,
RA   Kanai A., Kawaji H., Kawasawa Y., Kedzierski R.M., King B.L.,
RA   Konagaya A., Kurochkin I.V., Lee Y., Lenhard B., Lyons P.A.,
RA   Maglott D.R., Maltais L., Marchionni L., McKenzie L., Miki H.,
RA   Nagashima T., Numata K., Okido T., Pavan W.J., Pertea G., Pesole G.,
RA   Petrovsky N., Pillai R., Pontius J.U., Qi D., Ramachandran S.,
RA   Ravasi T., Reed J.C., Reed D.J., Reid J., Ring B.Z., Ringwald M.,
RA   Sandelin A., Schneider C., Semple C.A., Setou M., Shimada K.,
RA   Sultana R., Takenaka Y., Taylor M.S., Teasdale R.D., Tomita M.,
RA   Verardo R., Wagner L., Wahlestedt C., Wang Y., Watanabe Y., Wells C.,
RA   Wilming L.G., Wynshaw-Boris A., Yanagisawa M., Yang I., Yang L.,
RA   Yuan Z., Zavolan M., Zhu Y., Zimmer A., Carninci P., Hayatsu N.,
RA   Hirozane-Kishikawa T., Konno H., Nakamura M., Sakazume N., Sato K.,
RA   Shiraki T., Waki K., Kawai J., Aizawa K., Arakawa T., Fukuda S.,
RA   Hara A., Hashizume W., Imotani K., Ishii Y., Itoh M., Kagawa I.,
RA   Miyazaki A., Sakai K., Sasaki D., Shibata K., Shinagawa A.,
RA   Yasunishi A., Yoshino M., Waterston R., Lander E.S., Rogers J.,
RA   Birney E., Hayashizaki Y.;
RT   "Analysis of the mouse transcriptome based on functional annotation of
RT   60,770 full-length cDNAs.";
RL   Nature 420:563-573(2002).
RN   [5]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Liver;
RX   MEDLINE=21085660; PubMed=11217851; DOI=10.1038/35055500;
RA   Kawai J., Shinagawa A., Shibata K., Yoshino M., Itoh M., Ishii Y.,
RA   Arakawa T., Hara A., Fukunishi Y., Konno H., Adachi J., Fukuda S.,
RA   Aizawa K., Izawa M., Nishi K., Kiyosawa H., Kondo S., Yamanaka I.,
RA   Saito T., Okazaki Y., Gojobori T., Bono H., Kasukawa T., Saito R.,
RA   Kadota K., Matsuda H.A., Ashburner M., Batalov S., Casavant T.,
RA   Fleischmann W., Gaasterland T., Gissi C., King B., Kochiwa H.,
RA   Kuehl P., Lewis S., Matsuo Y., Nikaido I., Pesole G., Quackenbush J.,
RA   Schriml L.M., Staubli F., Suzuki R., Tomita M., Wagner L., Washio T.,
RA   Sakai K., Okido T., Furuno M., Aono H., Baldarelli R., Barsh G.,
RA   Blake J., Boffelli D., Bojunga N., Carninci P., de Bonaldo M.F.,
RA   Brownstein M.J., Bult C., Fletcher C., Fujita M., Gariboldi M.,
```

```
RA   Gustincich S., Hill D., Hofmann M., Hume D.A., Kamiya M., Lee N.H.,
RA   Lyons P., Marchionni L., Mashima J., Mazzarelli J., Mombaerts P.,
RA   Nordone P., Ring B., Ringwald M., Rodriguez I., Sakamoto N.,
RA   Sasaki H., Sato K., Schoenbach C., Seya T., Shibata Y., Storch K.-F.,
RA   Suzuki H., Toyo-oka K., Wang K.H., Weitz C., Whittaker C., Wilming L.,
RA   Wynshaw-Boris A., Yoshida K., Hasegawa Y., Kawaji H., Kohtsuki S.,
RA   Hayashizaki Y.;
RT   "Functional annotation of a full-length mouse cDNA collection.";
RL   Nature 409:685-690(2001).
RN   [6]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Liver;
RX   MEDLINE=20499374; PubMed=11042159; DOI=10.1101/gr.145100;
RA   Carninci P., Shibata Y., Hayatsu N., Sugahara Y., Shibata K., Itoh M.,
RA   Konno H., Okazaki Y., Muramatsu M., Hayashizaki Y.;
RT   "Normalization and subtraction of cap-trapper-selected cDNAs to
RT   prepare full-length cDNA libraries for rapid discovery of new genes.";
RL   Genome Res. 10:1617-1630(2000).
RN   [7]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Liver;
RX   MEDLINE=20530913; PubMed=11076861; DOI=10.1101/gr.152600;
RA   Shibata K., Itoh M., Aizawa K., Nagaoka S., Sasaki N., Carninci P.,
RA   Konno H., Akiyama J., Nishi K., Kitsunai T., Tashiro H., Itoh M.,
RA   Sumi N., Ishii Y., Nakamura S., Hazama M., Nishine T., Harada A.,
RA   Yamamoto R., Matsumoto H., Sakaguchi S., Ikegami T., Kashiwagi K.,
RA   Fujiwake S., Inoue K., Togawa Y., Izawa M., Ohara E., Watahiki M.,
RA   Yoneda Y., Ishikawa T., Ozawa K., Tanaka T., Matsuura S., Kawai J.,
RA   Okazaki Y., Muramatsu M., Inoue Y., Kira A., Hayashizaki Y.;
RT   "RIKEN integrated sequence analysis (RISA) system-384-format
RT   sequencing pipeline with 384 multicapillary sequencer.";
RL   Genome Res. 10:1757-1771(2000).
RN   [8]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Liver;
RA   Arakawa T., Carninci P., Fukuda S., Hashizume W., Hayashida K.,
RA   Hori F., Iida J., Imamura K., Imotani K., Itoh M., Kanagawa S.,
RA   Kawai J., Kojima M., Konno H., Murata M., Nakamura M., Ninomiya N.,
RA   Nishiyori H., Nomura K., Ohno M., Sakazume N., Sano H., Sasaki D.,
RA   Shibata K., Shiraki T., Tagami M., Tagami Y., Waki K., Watahiki A.,
RA   Muramatsu M., Hayashizaki Y.;
RL   Submitted (MAR-2004) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; AK149368; BAE28838.1; -; mRNA.
DR   MGI; MGI:1921743; Tnks2.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   InterPro; IPR001290; PARP.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   InterPro; IPR011510; SAM_2.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 5.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 4.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 4.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ANK repeat.
FT   NON_TER       1      1
SQ   SEQUENCE   589 AA;  64051 MW;  AF630275E3C75124 CRC64;

  Query Match             50.7%;  Score 2833;  DB 2;  Length 589;
  Best Local Similarity   96.8%;  Pred. No. 4e-159;
  Matches  536;  Conservative   10;  Mismatches    8;  Indels    0;  Gaps    0;
```

```
Qy        512 LVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDT 571
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 LVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDT 60

Qy        572 DIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEY 631
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEY 120

Qy        632 LLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGR 691
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 LLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGR 180

Qy        692 TQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRS 751
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||| |||:||| 
Db        181 TQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPTCYKTQVLSGVRG 240

Qy        752 PGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFS 811
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||  |||: |::||  |:|||
Db        241 PGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSAVVSSSAAEGATGLQRKEDSGIDFS 300

Qy        812 ITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQ 871
              ||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ITQFIRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQ 360

Qy        872 QGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKI 931
              |||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||
Db        361 QGLNPYLTLNNSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGVFNRYNILKI 420

Qy        932 QKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGA 991
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 QKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGA 480

Qy        992 GIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAH 1051
              |||||||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 GIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPIHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAH 540

Qy       1052 SPPGHHSVTGRPSV 1065
              ||||||||||||||
Db        541 SPPGHHSVTGRPSV 554

Search completed: December 18, 2006, 17:34:40
Job time : 217 secs
```

```
                  GenCore version 5.1.9
         Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.


OM protein - protein search, using sw model

Run on:         December 18, 2006, 17:55:21 ; Search time 34.6529 Seconds
                                           (without alignments)
                                          2975.278 Million cell updates/sec

Title:          US-10-616-101-3
Perfect score:  5585
Sequence:       1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQA..........AMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065

Scoring table:  BLOSUM62
                Gapop 10.0 , Gapext 0.5

Searched:       381649 seqs, 96809478 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      381649

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       Published_Applications_AA_New:*
                1:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpaa/US09_NEW_PUB.pep:*
                2:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpaa/US06_NEW_PUB.pep:*
                3:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpaa/US07_NEW_PUB.pep:*
                4:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpaa/US08_NEW_PUB.pep:*
                5:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpaa/PCT_NEW_PUB.pep:*
                6:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpaa/US10_NEW_PUB.pep:*
                7:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpaa/US11_NEW_PUB.pep:*
                8:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpaa/US60_NEW_PUB.pep:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                                 SUMMARIES
                  %
Result          Query
  No.   Score   Match Length DB ID                        Description
---------------------------------------------------------------------------
    1   860.5    15.4   1330  7 US-11-293-697-3237         Sequence 3237, Ap
    2     842    15.1   1880  7 US-11-050-875-628          Sequence 628, App
    3     842    15.1   1881  7 US-11-050-875-629          Sequence 629, App
    4     678    12.1    919  7 US-11-293-697-4122         Sequence 4122, Ap
    5     527     9.4    743  7 US-11-371-354-56501        Sequence 56501, A
    6   483.5     8.7    685  6 US-10-533-519-1308         Sequence 1308, Ap
    7     465     8.3    765  7 US-11-317-329-3            Sequence 3, Appli
    8     465     8.3    765  7 US-11-317-329-34           Sequence 34, Appl
    9     465     8.3    765  7 US-11-317-329-35           Sequence 35, Appl
   10     465     8.3    765  7 US-11-317-329-36           Sequence 36, Appl
   11     465     8.3    765  7 US-11-317-329-37           Sequence 37, Appl
   12     465     8.3    765  7 US-11-317-329-38           Sequence 38, Appl
   13     465     8.3    765  7 US-11-317-329-39           Sequence 39, Appl
   14     465     8.3    765  7 US-11-317-329-40           Sequence 40, Appl
   15     465     8.3    765  7 US-11-317-329-41           Sequence 41, Appl
   16     465     8.3    765  7 US-11-317-329-42           Sequence 42, Appl
   17     465     8.3    765  7 US-11-317-329-43           Sequence 43, Appl
   18     465     8.3    765  7 US-11-317-329-44           Sequence 44, Appl
   19     460     8.2    765  7 US-11-375-615-56           Sequence 56, Appl
   20     451     8.1   1061  7 US-11-397-222-4            Sequence 4, Appli
   21     420     7.5    616  7 US-11-371-354-59433        Sequence 59433, A
   22   408.5     7.3    435  7 US-11-371-354-13702        Sequence 13702, A
   23   408.5     7.3    435  7 US-11-371-354-78380        Sequence 78380, A
   24     394     7.1   1050  7 US-11-371-354-65355        Sequence 65355, A
   25     391     7.0    784  7 US-11-317-329-12           Sequence 12, Appl
```

```
   26     391     7.0    832  7 US-11-320-072-96           Sequence 96, Appl
   27   390.5     7.0    786  7 US-11-317-329-13           Sequence 13, Appl
   28   390.5     7.0    786  7 US-11-317-329-31           Sequence 31, Appl
   29   390.5     7.0    786  7 US-11-317-329-32           Sequence 32, Appl
   30   390.5     7.0    786  7 US-11-317-329-33           Sequence 33, Appl
   31     382     6.8   1762  6 US-10-502-394-94           Sequence 94, Appl
   32   380.5     6.8   1715  6 US-10-502-394-93           Sequence 93, Appl
   33   379.5     6.8   1719  7 US-11-344-932-378          Sequence 378, App
   34   371.5     6.7    347  7 US-11-317-329-30           Sequence 30, Appl
   35     365     6.5   1184  6 US-10-502-394-90           Sequence 90, Appl
   36     365     6.5   1771  6 US-10-502-394-91           Sequence 91, Appl
   37     365     6.5   1777  6 US-10-570-909-17           Sequence 17, Appl
   38     365     6.5   1777  6 US-10-570-909-107          Sequence 107, App
   39   363.5     6.5   1715  6 US-10-502-394-89           Sequence 89, Appl
   40   363.5     6.5   1753  6 US-10-504-973-30           Sequence 30, Appl
   41     350     6.3    587  7 US-11-371-354-61877        Sequence 61877, A
   42     341     6.1    727  6 US-10-449-902-54192        Sequence 54192, A
   43     337     6.0   2278  6 US-10-374-780A-1842        Sequence 1842, Ap
   44   332.5     6.0    835  7 US-11-377-316-202          Sequence 202, App
   45   326.5     5.8    456  7 US-11-056-355B-39159       Sequence 39159, A

                                ALIGNMENTS


RESULT 1
US-11-293-697-3237
; Sequence 3237, Application US/11293697
; Publication No. US20060105376A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: HELIX RESEARCH INSTITUTE
;  TITLE OF INVENTION: Novel full length cDNA
;  FILE REFERENCE: H1-A0106
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/293,697
;  CURRENT FILING DATE:  2005-12-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/108,260
;  PRIOR FILING DATE: 2002-03-28
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 5458
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 3237
;   LENGTH: 1330
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-293-697-3237

  Query Match             15.4%;  Score 860.5;  DB 7;  Length 1330;
  Best Local Similarity   29.8%;  Pred. No. 1.2e-46;
  Matches  283;  Conservative  127;  Mismatches  386;  Indels  153;  Gaps   21;

Qy          3 GRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPL 62
              |   :|: ||  |:|| :    |   || |   | |||| :|:: ||: ||:    :|||
Db         54 GHVGLVQELLGRGSSVDSATKKGNTALHIASLAGQAEVVKVLVKEGANINAQSQNGFTPL 113

Qy         63 HEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRT----ALDLADPSAKAVLTGEYKKDEL--- 115
              : || :  |||   ||::||  :    || |    ||      | |:|     | ::
Db        114 YMAAQENHIDVVKYLLENGANQSTATEDGFTPLAVALQQGHNQAVAILLENDTKGKVRLP 173

Qy        116 -LESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKS-----------TPLHLAAGYNRVKIVQL 163
               |  |   :: |  |||     | | :| :             ||||:|| |  | :  |
Db        174 ALHIAARKDDTKSAALLLQ---NDHNADVQSKMMVNRTTESGFTPLHIAAHYGNVNVATL 230

Qy        164 LLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNR 223
              ||  || |    :  : ||| |   |:  : :||:  |  ::|      |||| ||
Db        231 LLNRGAAVDFTARNGITPLHVASKRGNTNMVKLLLDRGGQIDAKTRDGLTPLHCAARSGH 290

Qy        224 VEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKK 283
               :|  |||  || | |    |                     | | |  | : |     |
Db        291 DQVVELLLERGA-PLLARTKN---------------------GLSPLHMAAQGDHVECVK 328

Qy        284 HLSLEMVNFKHP-----QTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPL 338
              ||    :  | |       : |||| ||   :    :: :||| | || | :     |||
Db        329 HL----LQHKAPVDDVTLDYLTALHVAA---HCGHYRVTKLLLDKRANPNARALNGFTPL 381
```

```
Qy        339 HVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISL 398
              |:| :|    |:|::||: | : |:   | | :| ||: |||    |||  |  |:: ::
Db        382 HIACKKNRIKVMELLVKYGASIQAITESGLTPIHVAAFMGHLNIVLLLQNGASPDVTNI 441

Qy        399 QGFTALQMGN-----ENVQQLLQEGI-----------------SLGNSEADRQLLE---- 432
              :| ||| |       | |: ||: |                   || :|  : ||:
Db        442 RGETALHMAARAGQVEVVRCLLRNGALVDARAREEQTPLHIASRLGKTEIVQLLLQHMAH 501

Qy        433 --------------AAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEY 478
                            :|: | |:    |    : :    : :  |||| || |  : | :
Db        502 PDAATTNRYTPLHISAREGQVDVASVLLEAGAAHSLATK-KGFTPLHVAAKYGSLDVAKL 560

Qy        479 LLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGK 538
              |||  |   :  | || ||| |  | : :|| ||:: ||  :      :|||| || | :
Db        561 LLQRRAAADSAGKNGLTPLHVAAHYDNQKVALLLLEKGASPHATAKNGYTPLHIAAKKNQ 620

Qy        539 YEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLV-KDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKK 597
               :|   || :||:     : | ||| |  ::| ||:  ||    | :  : |  |
Db        621 MQIASTLLNYGAETNIVTKQGVTPLHLASQEGHTDMVTLLLDKGANIHMSTKSGL----- 675

Qy        598 LSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYG 657
                               | |||||  : : ||: | :|||| :|  | |  ||  |  ||
Db        676 -----------------TSLHLAAQEDKVNVADILTKHGADQDAHTKLGYTPLIVACHYG 718

Qy        658 HVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLD 717
              :| :   |:|  | |||  |  :||||:|||:| | :  :|| ||| |      | | |
Db        719 NVKMVNFLLKQGANVNAKTKNGYTPLHQAAQQGHTHIINVLLQHGAKPNATTANGNTALA 778

Qy        718 L------VSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSA 771
              :      :|  |   ::|  :  :      |    : :  |    : |         :|
Db        779 IAKRLGYISVVDTLKVVTEEVTTTTTTITEK----HKLNVPETMTEVL--------DVSD 826

Qy        772 ASSLDNLSGSFSEL-----------SSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFV--RN 818
                  | ::|   |             |: ||   :| : |      |   |:  |   |:
Db        827 EEGDDTMTGDGGEYLRPEDLKELGDDSLPSSQFLDGMNYLRYSLEGGRSDSLRSFSSDRS 886

Qy        819 LGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERL 867
                | |    : |:   :|  | :   ::  :   |  : ::|  | | |
Db        887 HTLSHAS--YLRDSAVMDDSVVIPSHQVSTLAKEAERNSYRLSWGTENL 933

RESULT 2
US-11-050-875-628
; Sequence 628, Application US/11050875
; Publication No. US20060263786A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Compugen Ltd
;  TITLE OF INVENTION: NOVEL NUCLEOTIDE AND AMINO ACID SEQUENCES, AND ASSAYS AND METHODS
;  TITLE OF INVENTION:  THEREOF FOR DIAGNOSIS OF COLON CANCER
;  FILE REFERENCE: 1847.1001
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/050,875
;  CURRENT FILING DATE:  2005-01-27
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 1583
; SEQ ID NO 628
;   LENGTH: 1880
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-050-875-628

  Query Match             15.1%;  Score 842;  DB 7;  Length 1880;
  Best Local Similarity   25.5%;  Pred. No. 3.3e-45;
  Matches  279;  Conservative  152;  Mismatches  356;  Indels  306;  Gaps   27;

Qy          3 GRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPL 62
              |: :||  |:  ||:| |:   |  ||: |    | |||  || :||: |      :|||
Db         88 GQDEVVRELVNYGANVNAQSQKGFTPLYMAAQENHLEVVKFLLENGANQNVATEDGFTPL 147

Qy         63 HEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTI---------RNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKD 113
                |  :|  :|   |: :| :  :         || | |||         |||
Db        148 AVALQQGHENVVAHLINYGTKGKVRLPALHIAARNDDTRTA---------AVLLQNDPNP 198

Qy        114 ELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKS------------------TPLHLAAGY 155
              ::|  :::|         |||::  |  :   :                  ||||:|:
Db        199 DVL--SKTG--------FTPLHIAAHYENLNVAQLLLNRGASVNFTPQNGITPLHIASRR 248

Qy        156 NRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPL 215
                | :|:|||  || :  | | :| ||| |   ||  ::|:|: ||| : |      :|:
Db        249 GNVIMVRLLLDRGAQIETKTKDELTPLHCAARNGHVRISEILLDHGAPIQAKTKNGLSPI 308

Qy        216 HEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAARE 275
              | ||  : ::   ||| | |:           ||
Db        309 HMAAQGDHLDCVRLLLQYDAE-----------ID-------------------------- 331

Qy        276 ADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFL 335
               |:|                  | | || ||   :    :: ::|| |||  | :
Db        332 -DIT----------------LDHLTPLHVAA---HCGHHRVAKVLLDKGAKPNSRALNGF 371

Qy        336 TPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNI 395
              ||||:| :| |  |:|:::|  | ::|:   | | || |:: |||   : ||  |  ||:
Db        372 TPLHIACKKNHVRVMELLLKTGASIDAVTESGLTPLHVASFMGHLPIVKNLLQRGASPNV 431

Qy        396 ISLQGFTALQMG-----NENVQQLLQE-----------------GISLGNSEADRQLLE- 432
               :::  | | |       |  : |||                     :|::   : |||
Db        432 SNVKVETPLHMAARAGHTEVAKYLLQNKAKVNAKAKDDQTPLHCAARIGHTNMVKLLLEN 491

Qy        433 -----------------AAKAGDVETVKKLCTVQ-SVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 474
                               ||: | ||||  |   : |  |   :|   |||| || | :|
Db        492 NANPNLATTAGHTPLHIAAREGHVETVLALLEKEASQACMTKKG--FTPLHVAAKYGKVR 549

Qy        475 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWK-FTPLHEA 533
              | | ||:  |  :|  | || ||| |  : : :: :||:  |   : :  |  :|||| |
Db        550 VAELLLERDAHPNAAGKNGLTPLHVAVHHNNLDIVKLLLPRGGSPH-SPAWNGYTPLHIA 608

Qy        534 AAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDL-VKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCL 592
              | : : |: : |||:|     ::  | ||| |  ::|  ::  ||
Db        609 AKQNQVEVARSLLQYGGSANAESVQGVTPLHLAAQEGHAEMVALL--------------- 653

Qy        593 ARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHN 652
                   ||   | |  :  |   ||||| |   :: ||: |::||  |:|  : |  |||
Db        654 -----LSKQANGNLGNKSG--LTPLHLVAQEGHVPVADVLIKHGVMVDATTRMGYTPLHV 706

Qy        653 AASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEG 712
              |: ||:: :   |::: | |||  |  ::|||:|||:| | :  ||| :|| |   : :|
Db        707 ASHYGNIKLVKFLLQHQADVNAKTKLGYSPLHQAAQQGHTDIVTLLLKNGASPNEVSSDG 766

Qy        713 QTPLDL--------------VSADDVSALLTAAMPPSALPSC------------------ 740
               ||| :              |  |: | :| :     : |
Db        767 TTPLAIAKRLGYISVTDVLKVVTDETSFVLVSDKHRMSFPETVDEILDVSEDEGEELISF 826

Qy        741 ------------------YKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLS-----AASSLDN 777
                                : |::   |  |          |  | ::       :   :
Db        827 KAERRDSRDVDEEKELLDFVPKLDQVVESPAI--------PRIPCAMPETVVIRSEEQEQ 878

Qy        778 LSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDV 837
               |  : | | : ||  || : ::     |     :  |:
Db        879 ASKEYDEDSLIPSSPATETSDNISPVASPVHTGFLVSFM--------------------- 917

Qy        838 LVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVE-------------RLISGQQGLNPYLTLNTSG 884
                      :   | :  | ||  :: |              ||:  |:   |       |
Db        918 --------VDARGGSMRGSRHNGLRVVIPPRTCAAPTRITCRLVKPQKLSTPPPLAEEEG 969

Qy        885 SGTILIDLSP---------------------DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIF 923
                : :| | |                      |:|   :  |  |  :|||
Db        970 LASRIIALGPTGAQFLSPVIVEIPHFASHGRGDRELVVLRSENGSVWKEHR--------- 1020

Qy        924 NRYNILKIQKVCN 936
              :||    : :: |
Db       1021 SRYGESYLDQILN 1033

RESULT 3
US-11-050-875-629
; Sequence 629, Application US/11050875
; Publication No. US20060263786A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Compugen Ltd
;  TITLE OF INVENTION: NOVEL NUCLEOTIDE AND AMINO ACID SEQUENCES, AND ASSAYS AND METHODS
;  TITLE OF INVENTION:  THEREOF FOR DIAGNOSIS OF COLON CANCER
;  FILE REFERENCE: 1847.1001
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/050,875
;  CURRENT FILING DATE:  2005-01-27
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 1583
; SEQ ID NO 629
;   LENGTH: 1881
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-050-875-629

  Query Match             15.1%;  Score 842;  DB 7;  Length 1881;
  Best Local Similarity   25.5%;  Pred. No. 3.3e-45;
  Matches  279;  Conservative  152;  Mismatches  356;  Indels  306;  Gaps   27;

Qy          3 GRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPL 62
              |: :||  |:  ||:| |:   |  ||: |    | |||  || :||: |      :|||
Db         89 GQDEVVRELVNYGANVNAQSQKGFTPLYMAAQENHLEVVKFLLENGANQNVATEDGFTPL 148

Qy         63 HEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTI---------RNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKD 113
                |  :|  :|   |: :| :  :         || | |||         |||
Db        149 AVALQQGHENVVAHLINYGTKGKVRLPALHIAARNDDTRTA---------AVLLQNDPNP 199

Qy        114 ELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKS------------------TPLHLAAGY 155
              ::|  :::|         |||::  |  :   :                  ||||:|:
Db        200 DVL--SKTG--------FTPLHIAAHYENLNVAQLLLNRGASVNFTPQNGITPLHIASRR 249

Qy        156 NRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPL 215
                | :|:|||  || :  | :| ||| |   ||  ::|:|: ||| : |      :|:
Db        250 GNVIMVRLLLDRGAQIETKTKDELTPLHCAARNGHVRISEILLDHGAPIQAKTKNGLSPI 309

Qy        216 HEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAARE 275
              | ||  : ::   ||| | |:           ||
Db        310 HMAAQGDHLDCVRLLLQYDAE-----------ID-------------------------- 332

Qy        276 ADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFL 335
               |:|                  | | || ||   :    :: ::|| |||  | :
Db        333 -DIT----------------LDHLTPLHVAA---HCGHHRVAKVLLDKGAKPNSRALNGF 372

Qy        336 TPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNI 395
              ||||:| :| |  |:|:::|  | ::|:   | | || |:: |||   : ||  |  ||:
Db        373 TPLHIACKKNHVRVMELLLKTGASIDAVTESGLTPLHVASFMGHLPIVKNLLQRGASPNV 432

Qy        396 ISLQGFTALQMG-----NENVQQLLQE-----------------GISLGNSEADRQLLE- 432
               :::  | | |       |  : |||                     :|::   : |||
Db        433 SNVKVETPLHMAARAGHTEVAKYLLQNKAKVNAKAKDDQTPLHCAARIGHTNMVKLLLEN 492

Qy        433 -----------------AAKAGDVETVKKLCTVQ-SVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 474
                               ||: |||||  |   : |  |   :|   |||| || | :|
Db        493 NANPNLATTAGHTPLHIAAREGHVETVLALLEKEASQACMTKKG--FTPLHVAAKYGKVR 550

Qy        475 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWK-FTPLHEA 533
              | | ||:  |  :|  | || ||| |  : : :: :||:  |   : :  |  :|||| |
Db        551 VAELLLERDAHPNAAGKNGLTPLHVAVHHNNLDIVKLLLPRGGSPH-SPAWNGYTPLHIA 609

Qy        534 AAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDL-VKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCL 592
              | : : |: : |||:|     ::  | ||| |  ::|  ::  ||
Db        610 AKQNQVEVARSLLQYGGSANAESVQGVTPLHLAAQEGHAEMVALL--------------- 654

Qy        593 ARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHN 652
                   ||   | |  :  |   ||||| |   :: ||: |::||  |:|  : |  |||
Db        655 -----LSKQANGNLGNKSG--LTPLHLVAQEGHVPVADVLIKHGVMVDATTRMGYTPLHV 707

Qy        653 AASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEG 712
              |: ||:: :   |::: | |||  |  ::|||:|||:| | :  ||| :|| |   : :|
Db        708 ASHYGNIKLVKFLLQHQADVNAKTKLGYSPLHQAAQQGHTDIVTLLLKNGASPNEVSSDG 767

Qy        713 QTPLDL--------------VSADDVSALLTAAMPPSALPSC------------------ 740
               ||| :              |  |: | :| :     : |
Db        768 TTPLAIAKRLGYISVTDVLKVVTDETSFVLVSDKHRMSFPETVDEILDVSEDEGEELISF 827

Qy        741 ------------------YKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLS-----AASSLDN 777
```

```
                                : |::   | ||          |  | ::       :   :
Db        828 KAERRDSRDVDEEKELLDFVPKLDQVVESPAI--------PRIPCAMPETVVIRSEEQEQ 879

Qy        778 LSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDV 837
               |  : | | : ||  || : ::     |     :  |:
Db        880 ASKEYDEDSLIPSSPATETSDNISPVASPVHTGFLVSFM--------------------- 918

Qy        838 LVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVE-------------RLISGQQGLNPYLTLNTSG 884
                      :   | :  | ||  :: |              ||:  |:   |       |
Db        919 --------VDARGGSMRGSRHNGLRVVIPPRTCAAPTRITCRLVKPQKLSTPPPLAEEEG 970

Qy        885 SGTILIDLSP---------------------DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIF 923
                : :| | |                      |:|   :  |  |  :|||
Db        971 LASRIIALGPTGAQFLSPVIVEIPHFASHGRGDRELVVLRSENGSVWKEHR--------- 1021

Qy        924 NRYNILKIQKVCN 936
              :||    : :: |
Db       1022 SRYGESYLDQILN 1034


RESULT 4
US-11-293-697-4122
; Sequence 4122, Application US/11293697
; Publication No. US20060105376A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: HELIX RESEARCH INSTITUTE
;  TITLE OF INVENTION: Novel full length cDNA
;  FILE REFERENCE: H1-A0106
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/293,697
;  CURRENT FILING DATE:  2005-12-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/108,260
;  PRIOR FILING DATE: 2002-03-28
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 5458
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 4122
;   LENGTH: 919
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-293-697-4122

  Query Match             12.1%;  Score 678;  DB 7;  Length 919;
  Best Local Similarity   28.5%;  Pred. No. 3.7e-35;
  Matches  235;  Conservative  109;  Mismatches  304;  Indels  178;  Gaps   24;

Qy         11 LLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGK 70
              |:     |   |     ||| |   | ||:: ||:  ||  ||:||   |||| |
Db          2 LIHKTEDVNTLDSEKRTPLHVAAFLGDAEIIELLILSGARVNAKDNMWLTPLHRAVASRS 61

Qy         71 IDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMAL 130
               :   ||::| |:   |: : :| | :|  : |||                    |   :
Db         62 EEAVQVLIKHSADVNARDKNWQTPLHVA-AANKAV--------------------KCAEV 100

Qy        131 LTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGH 190
              : ||  : : ||    | || ||    |::| |||  ||:::| || |   || |   ||
Db        101 IIPLLSSVNVSDRGGRTALHHAALNGHVEMVNLLLAKGANINAFDKKDRRALHWAAYMGH 160

Qy        191 YEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDL 250
               :|  ||: ||| |   |   :|||| |||  :: |   ||: | :   :| :  :|: :
Db        161 LDVVALLINHGAEVTCKDKKGYTPLHAAASNGQINVVKHLLNLGVEIDEINVYGNTALHI 220

Qy        251 APTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHE-TALHCAAASP 309
              |          |           ::| |  :  :      |   |  :  | || ||||
Db        221 A---------CYN---------GQDAVVNELIDY----GANVNQPNNNGFTPLHFAAAST 258

Qy        310 YPKRKQIC-ELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQ 368
              :     :| |||:  ||::| ::|:  :|||: :        : ::::  ::: :|  |
Db        259 H---GALCLELLVNNGADVNIQSKDGKSPLHMTAVHGRFTRSQTLIQNGGEIDCVDKDGN 315

Qy        369 TSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADR 428
              | || ||  ||      | : | |     :     | :   |            :|:  |
Db        316 TPLHVAARYGHELLINTLRTSGADTAKCGIHSMFPLHLAALN-----------AHSDCCR 364

Qy        429 QLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHA 488
```

```
               :||  :   :::|  |             ||  | || ||    |  :: |   ||| |
Db         365 KLL--SSGFEIDTPDKF------------GR--TCLHAAAAGGNVECIKLLQSSGADFHK 408

Qy         489 KDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAA------------- 535
               ||| |  ||| | :  |:   | ||  || ||  | |  | || |||
Db         409 KDKCGRTPLHYAAANCHFHCIETLVTTGANVNETDDWGRTALHYAAASDMDRNKTILGNA 468

Qy         536 --------------KGKYEIC-KLLLQHGADPTKKNRDG--------------------- 559
                             : :  :| : |||: |:|: ::::|
Db         469 HDNSEELERARELKEKEATLCLEFLLQNDANPSIRDKEGYNSIHYAAAYGHRQCLELLLE 528

Qy         560 --------------NTPLDLVK-DG-------------DTDIQDLLRGDAALLDAAKKGC 591
                              :|| |   :|             | ||:|  :|  ||  || ||
Db         529 RTNSGFEESDSGATKSPLHLAAYNGHHQALEVLLQSLVDLDIRD-EKGRTALDLAAFKGH 587

Qy         592 LARVKKLSSP-------DNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGAD----VN 640
                  |: | :|       |||  |       |||| |:  |   :   ||   ||    |:
Db         588 TECVEALINPGASIFVKDNVTKR-------TPLH-ASVINGHTLCLRLLLEIADNPEAVD 639

Qy         641 AQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLA 700
                :|  |  ||  | :|||:|  :||::  | |:  |    | ||     |  :   :||
Db         640 VKDAKGQTPLMLAVAYGHIDAVSLLLEKEANVDTVDILGCTALHRGIMTGHEECVQMLLE 699

Qy         701 HGADPTLKNQEGQTPLDLVSADD----VSALLTAAMPPSALPSCYK 742
                      |:  |:|||   :|      :| ||  |:  |    |:|
Db         700 QEVSILCKDSRGRTPLHYAAARGHATWLSELLQMAL--SEEDCCFK 743

RESULT 5
US-11-371-354-56501
; Sequence 56501, Application US/11371354
; Publication No. US20060275794A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: CARRINO, JOHN
;  APPLICANT:  LIANG, FENG
;  TITLE OF INVENTION: COLLECTIONS OF MATCHED BIOLOGICAL REAGENTS AND METHODS FOR
;  TITLE OF INVENTION:  IDENTIFYING MATCHED REAGENTS
;  FILE REFERENCE: INV-1005-UT2
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/371,354
;  CURRENT FILING DATE:  2006-03-07
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/673,045
;  PRIOR FILING DATE: 2005-04-19
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/665,199
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/665,200
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/659,493
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-07
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/659,492
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-07
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/953,586
;  PRIOR FILING DATE: 2005-02-15
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/651,390
;  PRIOR FILING DATE: 2005-02-08
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 78682
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 56501
;   LENGTH: 743
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-371-354-56501

  Query Match             9.4%;  Score 527;  DB 7;  Length 743;
  Best Local Similarity   24.0%;  Pred. No. 1.3e-25;
  Matches  201;  Conservative   98;  Mismatches  238;  Indels  302;  Gaps   19;

Qy           3 GRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNA-----CSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNW 57
               | :::||:|| :|| |   |  |   |  |      | ||| ||:||:  ||: :  |
Db           2 GHREIVEHLLDHGAEVNHEDVDGRTALSVAALCVPASKGHASVVSLLIDRGAEVDHCDKD 61

Qy          58 NYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLE 117
                 |||  || :| :||  :||: ||:  : :||
Db          62 GMTPLLVAAYEGHVDVVDLLLEGGAD--VDHTD--------------------------- 92
```

```
Qy         118 SARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKG 177
                                      ::||  |||  ||      :|  ||  || | : |
Db          93 -----------------------NNGR--TPLLAAASMGHASVVNTLLFWGAAVDSIDSE 127

Qy         178 DLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADP 237
                   |  | : |: ||   |:  |   |  |   :|||| ||
Db         128 GRTVLSIASAQGNVEVVRTLLDRGLDENHRDDAGWTPLHMAA------------------ 169

Qy         238 TLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQT 297
                                         |:|| |
Db         170 --------------------------FEGHRL---------------------------- 175

Qy         298 HETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHE 357
                                 ||| |: :||  ||   :   |  :||:: | | |:::::::
Db         176 ------------------ICEALIEQGARTNEIDNDGRIPFILASQEGHYDCVQILLENK 217

Qy         358 AKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQE 417
               : ::     |: :|  ||  ||     || |:| |
Db         218 SNIDQRGYDGRNALRVAALEGHRDIVELLFSHGAD------------------------- 252

Qy         418 GISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVE 477
                                                |||:| :|| :  |:  |  |:::: |
Db         253 ---------------------------------VNCKDADGRPT--LYILALENQLTMAE 277

Qy         478 YLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKG 537
               | |::||:| | |  |   || :|  || |: ::|: : | || ||  | : |  || :|
Db         278 YFLENGANVEASDAEGRTALHVSCWQGHMEMVQVLIAYHADVNAADNEKRSALQSAAWQG 337

Qy         538 KYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKK 597
                 :: :||::||                                |::|
Db         338 HVKVVQLLIEHG--------------------------------AVVD------------ 353

Qy         598 LSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYG 657
                          |  : :| | :||   :::| : ||:|||| |  |: |   :  ||  |
Db         354 ----------HTCNQGATALCIAAQEGHIDVVQVLLEHGADPNHADQFGRTAMRVAAKNG 403

Qy         658 HVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLK-NQEGQTPL 716
               |  :  || || |  :: :  : :|:|   ||    | : :       |:| |  | |
Db         404 HSQIIKLLEKYGA--SSLNGCSPSPVHTMEQKPLQSLSSKV----QSLTIKSNSSGST-- 455

Qy         717 DLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSL--SAASS 774
                     |        | ||          | |:  |     | ||   || |      ||
Db         456 ---GGGD--------MQPS----------LRGL--PNGPTHAFSSPSESPDSTVDRQKSS 492

Qy         775 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQI 833
               | | |   |: ||: ::| |  | :     ||   |    |   :    |     |: |
Db         493 LSNNSLKSSKNSSLRTTSSTATAQT-----VPIDSFHNLSFTEQIQQHSLPRSRSRQSI 546

RESULT 6
US-10-533-519-1308
; Sequence 1308, Application US/10533519
; Publication No. US20060263774A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: CLARK,HILARY
;  APPLICANT:  SCHOENFELD,JILL
;  APPLICANT:  VANLOOKEREN,MENNO
;  APPLICANT:  WILLIAMS,P. MICKEY
;  APPLICANT:  WOOD,WILLIAM I.
;  APPLICANT:  WU,THOMAS D.
;  TITLE OF INVENTION: COMPOSITIONS AND METHODSF OR THE TREATMENT OF IMMUNE
;  TITLE OF INVENTION:  RELATED DISEASES
;  FILE REFERENCE: P1984R1 US
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/533,519
;  CURRENT FILING DATE:  2005-04-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/US03/34312
;  PRIOR FILING DATE: 2003-10-30
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/423,394
;  PRIOR FILING DATE: 2002-11-01
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 2517
; SEQ ID NO 1308
;   LENGTH: 685
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapien
US-10-533-519-1308

  Query Match              8.7%;  Score 483.5;  DB 6;  Length 685;
  Best Local Similarity   25.4%;  Pred. No. 7.1e-23;
  Matches  196;  Conservative   93;  Mismatches  259;  Indels  225;  Gaps   22;

Qy          3 GRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPL 62
              |  ::|:||| :||:| |    |   |  ||  || :| ::||: ||| : ::
Db          7 GHLELVKYLLASGANVHATTATGDTALTYACENGHTDVADVLLQAGADLDKQE------- 59

Qy         63 HEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSG 122
                                         | :| |:  ||:         |  |
Db         60 ---------------------------DMKTILEGIDPA---------KHQE-------- 75

Qy        123 NEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVH-AKDKGDLVP 181
                              | |:| : |||  ||    :  || |:  ||:|: |    |
Db         76 ----------------HESEGGR-TPLMKAARAGHLCTVQFLISKGANVNRATANNDHTV 118

Qy        182 LHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLH----------EAASKNRVEVCSLLL 231
              :  ||: ||  | |||: |||           | |          |||      | | ||
Db        119 VSLACAGGHLAVVELLLAHGA----------DPTHRLKDGSTMLIEAAKGGHTNVVSYLL 168

Qy        232 SYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTP-----QLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIK--KH 284
               |   |  :     : :   | |     |  :| : |      |   ::|  ||:    :
Db        169 DY---PNNVLSVPTTDVSQLPPPSQDQSQEPDRTSQE--NSPALLGVQKAVSTRVPTGSN 223

Qy        285 LSLEMVNFKHPQT-----------------------------HETALHCAAASPYPKRKQ 315
               | :      |::                             |:|||  | |  :   ::
Db        224 SSSQTTECLTPESCSQTTSNVASQSMPPVYPSVDVDAHTESNHDTALTLACAGGH---EE 280

Qy        316 ICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNA-LDNLGQTSLHRA 374
              :  :|: : | |  : |:  ||| :|:   |  |||:::     : |  :    | |  |
Db        281 LVSVLIARDAKIEHRDKKGFTPLILAATAGHVGVVEILLDKGGDIEAQSERTKDTPLSLA 340

Qy        375 AYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQM----GNENVQQLL---------QEGISL 421
                 |  :   |||: | :    ::  :| | :    |  |: ::|         : |  |
Db        341 CSGGRQEVVDLLLARGANKEHRNVSDYTPLSLAASGGYVNIIKILLNAGAEINSRTGSKL 400

Qy        422 GNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQ 481
              | |     |: ||  | |  || |  : |     ||  ::| |  |    |  ||  ||
Db        401 GIS----PLMLAAMNGHVPAVKLLLDMGSDINAQIETNRNTALTLACFQGRAEVVSLLLD 456

Qy        482 HGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADL--WKFTPLHEAAAKGKY 539
                |:|  : | || ||  | | |: ||  :|:  || ||   :   : | |  || || |
Db        457 RKANVEHRAKTGLTPLMEAASGGYAEVGRVLLDKGADVNAPPVPSSRDTALTIAADKGHY 516

Qy        540 EICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLS 599
              : |:||:  ||    :|: ||||| |  :|
Db        517 KFCELLIHRGAHIDVRNKKGNTPLWLASNG------------------------------ 546

Qy        600 SPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHV 659
                                       : :| : |:| ||||:| |   : || :|   |||
Db        547 ------------------------GHFDVVQLLVQAGADVDAADNRKITPLMSAFRKGHV 582

Qy        660 DVAALLIK-------------YNACVNATDKWAFTPLHEAAQ---KGRTQLCA 696
               |   |:|             | | :  |||      |:  :   | : |  |
Db        583 KVVQYLVKEVNQFPSDIECMRYIATI--TDKELLKKCHQCVETIVKAKDQQAA 633

RESULT 7
US-11-317-329-3
; Sequence 3, Application US/11317329
; Publication No. US20060105413A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Nunez, Gabriel
;  APPLICANT:  Inohara, Naohiro
;  TITLE OF INVENTION: Methods and Compositions for Regulating Cellular Signaling
;  FILE REFERENCE: UM-06967
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/317,329
;  CURRENT FILING DATE:  2005-12-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/128,174
;  PRIOR FILING DATE: 2002-04-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 44
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 765
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-317-329-3

  Query Match              8.3%;  Score 465;  DB 7;  Length 765;
  Best Local Similarity   30.1%;  Pred. No. 1.3e-21;
  Matches  144;  Conservative   65;  Mismatches  181;  Indels   88;  Gaps    8;

Qy        245 KSAIDLAP----TPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              | |: |:      |: :|   || |   |     :  | :::  |:           ||
Db        338 KRALQLSDRKNLVPRDEELCIYENKVTPLQFLVAQGSVEQVRLLLA-----------HEV 386

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
               : |  || |                         ||| :|::    |:  ::: | |
Db        387 DVDCQTASGY-------------------------TPLLIAAQDQQPDLCALLLAHGADA 421

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              | :|  |   || ||  |  :| |||| :|   :    :|:| | :  :|
Db        422 NRVDEDGWAPLHFAAQNGDDRTARLLLDHGACVDAQEREGWTPLHLAAQN---------- 471

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
                | |   :|| : :|               | |: ||:  |||| || :  ||:|: |
Db        472 --NFENVARLLVSRQA-------------DPNLREAEGK--TPLHVAAYFGHVSLVKLLT 514

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
                ||:: |: :    ||| |   |     : |:| ||| :  |   : ||| |||:|||
Db        515 SQGAELDAQQRNLRTPLHLAVERGKVRAIQHLLKSGAVPDALDQSGYGPLHTAAARGKYL 574

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              |||:||::||        | ||| |                    || || |  :  | :
Db        575 ICKMLLRYGASLELPTHQGWTPLHL--------------------AAYKGHL-EIIHLLA 613

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
               :  |       : ||||||| :    |   ||| ||| || :: |  ||| |
Db        614 ESHANMGALGAVNWTPLHLAARHGEEAVVSALLQCGADPNAAEQSGWTPLHLAVQRSTFL 673

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL 718
                  |::::| |:| :|  :|| | || || |  :  :|:  ||   :::    ||| |
Db        674 SVINLLEHHANVHARNKVGWTPAHLAALKGNTAILKVLVEAGAQLDVQDGVSCTPLQL 731

RESULT 8
US-11-317-329-34
; Sequence 34, Application US/11317329
; Publication No. US20060105413A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Nunez, Gabriel
;  APPLICANT:  Inohara, Naohiro
;  TITLE OF INVENTION: Methods and Compositions for Regulating Cellular Signaling
;  FILE REFERENCE: UM-06967
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/317,329
;  CURRENT FILING DATE:  2005-12-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/128,174
;  PRIOR FILING DATE: 2002-04-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 44
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 34
;   LENGTH: 765
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-317-329-34

  Query Match              8.3%;  Score 465;  DB 7;  Length 765;
  Best Local Similarity   30.1%;  Pred. No. 1.3e-21;
  Matches  144;  Conservative   65;  Mismatches  181;  Indels   88;  Gaps    8;

Qy        245 KSAIDLAP----TPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              | |: |:      |: :|   || |   |     :  | :::  |:           ||
Db          338 KRALQLSDRKNLVPRDEELCIYENKVTPLQFLVAQGSVEQVRLLLA-----------HEV 386

Qy          301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
                 : |  || |                         ||| :|::    |:  ::: | |
Db          387 DVDCQTASGY-------------------------TPLLIAAQDQQPDLCALLLAHGADA 421

Qy          361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
                | :|  |   || ||  |  :| |||| :|   :    :|:| | :  :|
Db          422 NRVDEDGWAPLHFAAQNGDDRTARLLLDHGACVDAQEREGWTPLHLAAQN---------- 471

Qy          421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
                  | |   :|| : :|               | |: ||:  |||| || :  ||:|: |
Db          472 --NFENVARLLVSRQA-------------DPNLREAEGK--TPLHVAAYFGHVSLVKLLT 514

Qy          481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
                  ||:: |: :    ||| |   |     : |:| ||| :  |   : ||| |||:|||
Db          515 SQGAELDAQQRNLRTPLHLAVERGKVRAIQHLLKSGAVPDALDQSGYGPLHTAAARGKYL 574

Qy          541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
                |||:||::||        | ||| |                    || || |  :  | :
Db          575 ICKMLLRYGASLELPTHQGWTPLHL--------------------AAYKGHL-EIIHLLA 613

Qy          601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
                  : |       : ||||||| :    |   ||| ||| || :: |  ||| |
Db          614 ESHANMGALGAVNWTPLHLAARHGEEAVVSALLQCGADPNAAEQSGWTPLHLAVQRSTFL 673

Qy          661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL 718
                    |::::| |:| :|  :|| | || || | :  :|:  ||   :::    ||| |
Db          674 SVINLLEHHANVHARNKVGWTPAHLAALKGNTAILKVLVEAGAQLDVQDGVSCTPLQL 731


RESULT 9
US-11-317-329-35
; Sequence 35, Application US/11317329
; Publication No. US20060105413A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Nunez, Gabriel
;  APPLICANT:  Inohara, Naohiro
;  TITLE OF INVENTION: Methods and Compositions for Regulating Cellular Signaling
;  FILE REFERENCE: UM-06967
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/317,329
;  CURRENT FILING DATE:  2005-12-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/128,174
;  PRIOR FILING DATE: 2002-04-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 44
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 35
;   LENGTH: 765
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-317-329-35

  Query Match             8.3%;  Score 465;  DB 7;  Length 765;
  Best Local Similarity   30.1%;  Pred. No. 1.3e-21;
  Matches  144;  Conservative   65;  Mismatches  181;  Indels   88;  Gaps    8;

Qy          245 KSAIDLAP----TPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
                | |: |:      |: :|   || |   |     :  | :::  |:           ||
Db          338 KRALQLSDRKNLVPRDEELCIYENKVTPLQFLVAQGSVEQVRLLLA-----------HEV 386

Qy          301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
                 : |  || |                         ||| :|::    |:  ::: | |
Db          387 DVDCQTASGY-------------------------TPLLIAAQDQQPDLCALLLAHGADA 421

Qy          361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
                | :|  |   || ||  |  :| |||| :|   :    :|:| | :  :|
Db          422 NRVDEDGWAPLHFAAQNGDDRTARLLLDHGACVDAQEREGWTPLHLAAQN---------- 471

Qy          421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
                  | |   :|| : :|               | |: ||:  |||| || :  ||:|: |
Db          472 --NFENVARLLVSRQA-------------DPNLREAEGK--TPLHVAAYFGHVSLVKLLT 514

Qy          481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
                  ||:: |: :    ||| |   |     : |:| ||| :  |   : ||| |||:|||
Db          515 SQGAELDAQQRNLRTPLHLAVERGKVRAIQHLLKSGAVPDALDQSGYGPLHTAAARGKYL 574

Qy          541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
                |||:||::||        | ||| |                    || || |  :  | :
Db          575 ICKMLLRYGASLELPTHQGWTPLHL--------------------AAYKGHL-EIIHLLA 613

Qy          601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
                  : |       : ||||||| :    |   ||| ||| || :: |  ||| |
Db          614 ESHANMGALGAVNWTPLHLAARHGEEAVVSALLQCGADPNAAEQSGWTPLHLAVQRSTFL 673

Qy          661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL 718
                    |::::| |:| :|  :|| | || || | :  :|:  ||   :::    ||| |
Db          674 SVINLLEHHANVHARNKVGWTPAHLAALKGNTAILKVLVEAGAQLDVQDGVSCTPLQL 731


RESULT 10
US-11-317-329-36
; Sequence 36, Application US/11317329
; Publication No. US20060105413A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Nunez, Gabriel
;  APPLICANT:  Inohara, Naohiro
;  TITLE OF INVENTION: Methods and Compositions for Regulating Cellular Signaling
;  FILE REFERENCE: UM-06967
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/317,329
;  CURRENT FILING DATE:  2005-12-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/128,174
;  PRIOR FILING DATE: 2002-04-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 44
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 36
;   LENGTH: 765
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-317-329-36

  Query Match             8.3%;  Score 465;  DB 7;  Length 765;
  Best Local Similarity   30.1%;  Pred. No. 1.3e-21;
  Matches  144;  Conservative   65;  Mismatches  181;  Indels   88;  Gaps    8;

Qy          245 KSAIDLAP----TPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
                | |: |:      |: :|   || |   |     :  | :::  |:           ||
Db          338 KRALQLSDRKNLVPRDEELCIYENKVTPLQFLVAQGSVEQVRLLLA-----------HEV 386

Qy          301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
                 : |  || |                         ||| :|::    |:  ::: | |
Db          387 DVDCQTASGY-------------------------TPLLIAAQDQQPDLCALLLAHGADA 421

Qy          361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
                | :|  |   || ||  |  :| |||| :|   :    :|:| | :  :|
Db          422 NRVDEDGWAPLHFAAQNGDDRTARLLLDHGACVDAQEREGWTPLHLAAQN---------- 471

Qy          421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
                  | |   :|| : :|               | |: ||:  |||| || :  ||:|: |
Db          472 --NFENVARLLVSRQA-------------DPNLREAEGK--TPLHVAAYFGHVSLVKLLT 514

Qy          481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
                  ||:: |: :    ||| |   |     : |:| ||| :  |   : ||| |||:|||
Db          515 SQGAELDAQQRNLRTPLHLAVERGKVRAIQHLLKSGAVPDALDQSGYGPLHTAAARGKYL 574

Qy          541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
                |||:||::||        | ||| |                    || || |  :  | :
Db          575 ICKMLLRYGASLELPTHQGWTPLHL--------------------AAYKGHL-EIIHLLA 613

Qy          601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
                  : |       : ||||||| :    |   ||| ||| || :: |  ||| |
Db          614 ESHANMGALGAVNWTPLHLAARHGEEAVVSALLQCGADPNAAEQSGWTPLHLAVQRSTFL 673

Qy          661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL 718
                    |::::| |:| :|  :|| | || || | :  :|:  ||   :::    ||| |
Db          674 SVINLLEHHANVHARNKVGWTPAHLAALKGNTAILKVLVEAGAQLDVQDGVSCTPLQL 731
```

```
RESULT 11
US-11-317-329-37
; Sequence 37, Application US/11317329
; Publication No. US20060105413A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Nunez, Gabriel
;  APPLICANT:  Inohara, Naohiro
;  TITLE OF INVENTION: Methods and Compositions for Regulating Cellular Signaling
;  FILE REFERENCE: UM-06967
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/317,329
;  CURRENT FILING DATE:  2005-12-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/128,174
;  PRIOR FILING DATE: 2002-04-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 44
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 37
;   LENGTH: 765
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-317-329-37

  Query Match              8.3%;  Score 465;  DB 7;  Length 765;
  Best Local Similarity   30.1%;  Pred. No. 1.3e-21;
  Matches  144;  Conservative   65;  Mismatches  181;  Indels   88;  Gaps    8;

Qy         245 KSAIDLAP----TPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
               | |: |:      |: :|   || |   |     :  | :::  |:           ||
Db         338 KRALQLSDRKNLVPRDEELCIYENKVTPLQFLVAQGSVEQVRLLLA-----------HEV 386

Qy         301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
                : |  || |                         ||| :|::    |:  ::: | |
Db         387 DVDCQTASGY-------------------------TPLLIAAQDQQPDLCALLLAHGADA 421

Qy         361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
               | :|  |   || ||  |  :| |||| :|   :    :|:| | :  :|
Db         422 NRVDEDGWAPLHFAAQNGDDRTARLLLDHGACVDAQEREGWTPLHLAAQN---------- 471

Qy         421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
                 | |   :|| : :|               | |: ||:  |||| || :  ||:|: |
Db         472 --NFENVARLLVSRQA-------------DPNLREAEGK--TPLHVAAYFGHVSLVKLLT 514

Qy         481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
                 ||:: |: :    ||| |   |     : |:| ||| :  |   : ||| |||:|||
Db         515 SQGAELDAQQRNLRTPLHLAVERGKVRAIQHLLKSGAVPDALDQSGYGPLHTAAARGKYL 574

Qy         541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
               |||:||::||        | ||| |                    || || |  :  | :
Db         575 ICKMLLRYGASLELPTHQGWTPLHL--------------------AAYKGHL-EIIHLLA 613

Qy         601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
                 : |       : ||||||| :    |   ||| ||| || :: |  ||| |
Db         614 ESHANMGALGAVNWTPLHLAARHGEEAVVSALLQCGADPNAAEQSGWTPLHLAVQRSTFL 673

Qy         661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL 718
                   |::::| |:| :|  :|| | || || | :  :|:  ||   :::    ||| |
Db         674 SVINLLEHHANVHARNKVGWTPAHLAALKGNTAILKVLVEAGAQLDVQDGVSCTPLQL 731

RESULT 12
US-11-317-329-38
; Sequence 38, Application US/11317329
; Publication No. US20060105413A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Nunez, Gabriel
;  APPLICANT:  Inohara, Naohiro
;  TITLE OF INVENTION: Methods and Compositions for Regulating Cellular Signaling
;  FILE REFERENCE: UM-06967
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/317,329
;  CURRENT FILING DATE:  2005-12-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/128,174
;  PRIOR FILING DATE: 2002-04-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 44
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 38
;   LENGTH: 765
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-317-329-38

  Query Match              8.3%;  Score 465;  DB 7;  Length 765;
  Best Local Similarity   30.1%;  Pred. No. 1.3e-21;
  Matches  144;  Conservative   65;  Mismatches  181;  Indels   88;  Gaps    8;

Qy         245 KSAIDLAP----TPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
               | |: |:      |: :|   || |   |     :  | :::  |:           ||
Db         338 KRALQLSDRKNLVPRDEELCIYENKVTPLQFLVAQGSVEQVRLLLA-----------HEV 386

Qy         301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
                : |  || |                         ||| :|::    |:  ::: | |
Db         387 DVDCQTASGY-------------------------TPLLIAAQDQQPDLCALLLAHGADA 421

Qy         361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
               | :|  |   || ||  |  :| |||| :|   :    :|:| | :  :|
Db         422 NRVDEDGWAPLHFAAQNGDDRTARLLLDHGACVDAQEREGWTPLHLAAQN---------- 471

Qy         421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
                 | |   :|| : :|               | |: ||:  |||| || :  ||:|: |
Db         472 --NFENVARLLVSRQA-------------DPNLREAEGK--TPLHVAAYFGHVSLVKLLT 514

Qy         481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
                 ||:: |: :    ||| |   |     : |:| ||| :  |   : ||| |||:|||
Db         515 SQGAELDAQQRNLRTPLHLAVERGKVRAIQHLLKSGAVPDALDQSGYGPLHTAAARGKYL 574

Qy         541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
               |||:||::||        | ||| |                    || || |  :  | :
Db         575 ICKMLLRYGASLELPTHQGWTPLHL--------------------AAYKGHL-EIIHLLA 613

Qy         601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
                 : |       : ||||||| :    |   ||| ||| || :: |  ||| |
Db         614 ESHANMGALGAVNWTPLHLAARHGEEAVVSALLQCGADPNAAEQSGWTPLHLAVQRSTFL 673

Qy         661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL 718
                   |::::| |:| :|  :|| | || || | :  :|:  ||   :::    ||| |
Db         674 SVINLLEHHANVHARNKVGWTPAHLAALKGNTAILKVLVEAGAQLDVQDGVSCTPLQL 731

RESULT 13
US-11-317-329-39
; Sequence 39, Application US/11317329
; Publication No. US20060105413A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Nunez, Gabriel
;  APPLICANT:  Inohara, Naohiro
;  TITLE OF INVENTION: Methods and Compositions for Regulating Cellular Signaling
;  FILE REFERENCE: UM-06967
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/317,329
;  CURRENT FILING DATE:  2005-12-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/128,174
;  PRIOR FILING DATE: 2002-04-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 44
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 39
;   LENGTH: 765
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-317-329-39

  Query Match              8.3%;  Score 465;  DB 7;  Length 765;
  Best Local Similarity   30.1%;  Pred. No. 1.3e-21;
  Matches  144;  Conservative   65;  Mismatches  181;  Indels   88;  Gaps    8;

Qy         245 KSAIDLAP----TPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
               | |: |:      |: :|   || |   |     :  | :::  |:           ||
Db         338 KRALQLSDRKNLVPRDEELCIYENKVTPLQFLVAQGSVEQVRLLLA-----------HEV 386
```

```
Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
               : |  || |                         ||| :|::    |:  ::: | |
Db        387 DVDCQTASGY-------------------------TPLLIAAQDQQPDLCALLLAHGADA 421

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              | :|  |   || ||  |  :| |||| :|   :    :|:| | :  :|
Db        422 NRVDEDGWAPLHFAAQNGDDRTARLLLDHGACVDAQEREGWTPLHLAAQN---------- 471

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
                | |   :|| : :|               | |: ||:  |||| || :  ||:|: |
Db        472 --NFENVARLLVSRQA-------------DPNLREAEGK--TPLHVAAYFGHVSLVKLLT 514

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
                ||:: |: :    ||| |   |     : |:| ||| :  |   : ||| |||:|||
Db        515 SQGAELDAQQRNLRTPLHLAVERGKVRAIQHLLKSGAVPDALDQSGYGPLHTAAARGKYL 574

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              |||:||::||        | ||| |                    || || |  :  | :
Db        575 ICKMLLRYGASLELPTHQGWTPLHL--------------------AAYKGHL-EIIHLLA 613

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
                : |       : ||||||| :    |   ||| ||| || :: |  ||| |
Db        614 ESHANMGALGAVNWTPLHLAARHGEEAVVSALLQCGADPNAAEQSGWTPLHLAVQRSTFL 673

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL 718
                  |::::| |:| :|  :|| | || || | :  :|:  ||   :::    ||| |
Db        674 SVINLLEHHANVHARNKVGWTPAHLAALKGNTAILKVLVEAGAQLDVQDGVSCTPLQL 731


RESULT 14
US-11-317-329-40
; Sequence 40, Application US/11317329
; Publication No. US20060105413A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Nunez, Gabriel
;  APPLICANT:  Inohara, Naohiro
;  TITLE OF INVENTION: Methods and Compositions for Regulating Cellular Signaling
;  FILE REFERENCE: UM-06967
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/317,329
;  CURRENT FILING DATE:  2005-12-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/128,174
;  PRIOR FILING DATE: 2002-04-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 44
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 40
;   LENGTH: 765
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-317-329-40

  Query Match             8.3%;  Score 465;  DB 7;  Length 765;
  Best Local Similarity   30.1%;  Pred. No. 1.3e-21;
  Matches  144;  Conservative   65;  Mismatches  181;  Indels   88;  Gaps    8;

Qy        245 KSAIDLAP----TPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              | |: |:      |: :|   || |   |     :  | :::  |:           ||
Db        338 KRALQLSDRKNLVPRDEELCIYENKVTPLQFLVAQGSVEQVRLLLA-----------HEV 386

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
               : |  || |                         ||| :|::    |:  ::: | |
Db        387 DVDCQTASGY-------------------------TPLLIAAQDQQPDLCALLLAHGADA 421

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              | :|  |   || ||  |  :| |||| :|   :    :|:| | :  :|
Db        422 NRVDEDGWAPLHFAAQNGDDRTARLLLDHGACVDAQEREGWTPLHLAAQN---------- 471

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
                | |   :|| : :|               | |: ||:  |||| || :  ||:|: |
Db        472 --NFENVARLLVSRQA-------------DPNLREAEGK--TPLHVAAYFGHVSLVKLLT 514

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
                ||:: |: :    ||| |   |     : |:| ||| :  |   : ||| |||:|||
Db        515 SQGAELDAQQRNLRTPLHLAVERGKVRAIQHLLKSGAVPDALDQSGYGPLHTAAARGKYL 574

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              |||:||::||        | ||| |                    || || |  :  | :
Db        575 ICKMLLRYGASLELPTHQGWTPLHL--------------------AAYKGHL-EIIHLLA 613

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
                : |       : ||||||| :    |   ||| ||| || :: |  ||| |
Db        614 ESHANMGALGAVNWTPLHLAARHGEEAVVSALLQCGADPNAAEQSGWTPLHLAVQRSTFL 673

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL 718
                  |::::| |:| :|  :|| | || || | :  :|:  ||   :::    ||| |
Db        674 SVINLLEHHANVHARNKVGWTPAHLAALKGNTAILKVLVEAGAQLDVQDGVSCTPLQL 731


RESULT 15
US-11-317-329-41
; Sequence 41, Application US/11317329
; Publication No. US20060105413A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Nunez, Gabriel
;  APPLICANT:  Inohara, Naohiro
;  TITLE OF INVENTION: Methods and Compositions for Regulating Cellular Signaling
;  FILE REFERENCE: UM-06967
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/317,329
;  CURRENT FILING DATE:  2005-12-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/128,174
;  PRIOR FILING DATE: 2002-04-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 44
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 41
;   LENGTH: 765
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-317-329-41

  Query Match             8.3%;  Score 465;  DB 7;  Length 765;
  Best Local Similarity   30.1%;  Pred. No. 1.3e-21;
  Matches  144;  Conservative   65;  Mismatches  181;  Indels   88;  Gaps    8;

Qy        245 KSAIDLAP----TPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              | |: |:      |: :|   || |   |     :  | :::  |:           ||
Db        338 KRALQLSDRKNLVPRDEELCIYENKVTPLQFLVAQGSVEQVRLLLA-----------HEV 386

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
               : |  || |                         ||| :|::    |:  ::: | |
Db        387 DVDCQTASGY-------------------------TPLLIAAQDQQPDLCALLLAHGADA 421

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              | :|  |   || ||  |  :| |||| :|   :    :|:| | :  :|
Db        422 NRVDEDGWAPLHFAAQNGDDRTARLLLDHGACVDAQEREGWTPLHLAAQN---------- 471

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
                | |   :|| : :|               | |: ||:  |||| || :  ||:|: |
Db        472 --NFENVARLLVSRQA-------------DPNLREAEGK--TPLHVAAYFGHVSLVKLLT 514

Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
                ||:: |: :    ||| |   |     : |:| ||| :  |   : ||| |||:|||
Db        515 SQGAELDAQQRNLRTPLHLAVERGKVRAIQHLLKSGAVPDALDQSGYGPLHTAAARGKYL 574

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              |||:||::||        | ||| |                    || || |  :  | :
Db        575 ICKMLLRYGASLELPTHQGWTPLHL--------------------AAYKGHL-EIIHLLA 613

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
                : |       : ||||||| :    |   ||| ||| || :: |  ||| |
Db        614 ESHANMGALGAVNWTPLHLAARHGEEAVVSALLQCGADPNAAEQSGWTPLHLAVQRSTFL 673

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL 718
                  |::::| |:| :|  :|| | || || | :  :|:  ||   :::    ||| |
Db        674 SVINLLEHHANVHARNKVGWTPAHLAALKGNTAILKVLVEAGAQLDVQDGVSCTPLQL 731


Search completed: December 18, 2006, 18:01:20
```

```
Job time : 39.6529 secs
```

```
                        GenCore version 5.1.9
               Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.


OM protein - protein search, using sw model

Run on:          December 18, 2006, 17:21:00 ; Search time 162.464 Seconds
                                           (without alignments)
                                           3489.682 Million cell updates/sec

Title:           US-10-616-101-4
Perfect score:   6464
Sequence:        1 RCSARRGAAGGQGAQRGARV..........AYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240

Scoring table:   BLOSUM62
                 Gapop 10.0 , Gapext 0.5

Searched:        2589679 seqs, 457216429 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      2589679

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       A_Geneseq_8:*
                 1:  geneseqp1980s:*
                 2:  geneseqp1990s:*
                 3:  geneseqp2000s:*
                 4:  geneseqp2001s:*
                 5:  geneseqp2002s:*
                 6:  geneseqp2003as:*
                 7:  geneseqp2003bs:*
                 8:  geneseqp2004s:*
                 9:  geneseqp2005s:*
                 10:  geneseqp2006s:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                                   SUMMARIES
                 %
Result           Query
  No.   Score    Match Length DB  ID                         Description
 -------------------------------------------------------------------------
     1   6464    100.0   1240  4  AAY97749                   Aay97749 Tankyrase
     2   6464    100.0   1240  6  ABG73731                   Abg73731 Tankyrase
     3   6464    100.0   1240  7  ADH69406                   Adh69406 Human tan
     4   6464    100.0   1240  9  ADY97762                   Ady97762 Human tan
     5 6375.5     98.6   1262  4  AAB66290                   Aab66290 Human tan
     6 6375.5     98.6   1287  8  ADR66429                   Adr66429 Human pro
     7 6375.5     98.6   1287  8  ADR66087                   Adr66087 Human pro
     8 6375.5     98.6   1385  4  AAB66294                   Aab66294 Human tan
     9   6121     94.7   1169  4  AAB66288                   Aab66288 Human tan
    10   6121     94.7   1169  4  AAB66278                   Aab66278 Human tan
    11   6108     94.5   1166  4  AAB66295                   Aab66295 Human tan
    12   6108     94.5   1166  8  ADR14792                   Adr14792 Amino aci
    13   6092     94.2   1166  3  AAB27211                   Aab27211 Human tan
    14   6088     94.2   1166  5  ABP69457                   Abp69457 Human pol
    15   6053     93.6   1166  4  AAY72589                   Aay72589 Human tan
    16   5766     89.2   1100  4  AAY97748                   Aay97748 Tankyrase
    17   5766     89.2   1100  6  ABG73732                   Abg73732 Tankyrase
    18   5766     89.2   1100  6  ABG73730                   Abg73730 Tankyrase
    19   5766     89.2   1100  7  ADH69405                   Adh69405 Human tan
    20   5766     89.2   1100  9  ADY97766                   Ady97766 Human tan
    21   5760     89.1   1100  6  ABG73735                   Abg73735 Tankyrase
    22   5760     89.1   1100  9  ADY97769                   Ady97769 Human tan
    23   5658     87.5   1084  6  ABG73736                   Abg73736 Tankyrase
```

```
    24   5656     87.5   1083  9  ADY97770                   Ady97770 Human tan
    25   5605     86.7   1074  2  AAY05734                   Aay05734 Human Grb
    26   5582     86.4   1065  9  ADY97761                   Ady97761 Human tan
    27   5543     85.8   1166  4  AAB47022                   Aab47022 Human SPA
    28   5474     84.7   1431  3  AAB27210                   Aab27210 Human tan
    29 5303.5     82.0   1083  6  AAE35352                   Aae35352 Human col
    30 5103.5     79.0   1327  3  AAY44402                   Aay44402 Human tan
    31 5103.5     79.0   1327  3  AAB27212                   Aab27212 Human tan
    32 5103.5     79.0   1327  4  AAB66279                   Aab66279 Human tan
    33 5103.5     79.0   1327  5  AAU79537                   Aau79537 Human tan
    34 5103.5     79.0   1327  8  ADR14791                   Adr14791 Amino aci
    35 5040.5     78.0   1333  3  AAB27209                   Aab27209 Human tan
    36 5038.5     77.9    991  4  AAB47023                   Aab47023 Mouse SPA
    37 4624.5     71.5    907  4  AAB48574                   Aab48574 Human bre
    38   4102     63.5    784  4  AAB66285                   Aab66285 Human tan
    39   4005     62.0   1181  4  ABB60894                   Abb60894 Drosophil
    40   3997     61.8   1181  4  AAB66297                   Aab66297 Drosophil
    41   3959     61.2    756  4  AAB66286                   Aab66286 Human tan
    42   3938     60.9    802  5  AAO20512                   Aao20512 Protein o
    43   3307     51.2    949  3  AAY44404                   Aay44404 Human tru
    44   3307     51.2    949  5  AAU79539                   Aau79539 Truncated
    45   2913     45.1    583  9  ADY97768                   Ady97768 Human tan


                                  ALIGNMENTS


RESULT 1
AAY97749
ID   AAY97749 standard; protein; 1240 AA.
XX
AC   AAY97749;
XX
DT   06-AUG-2001  (first entry)
XX
DE   Tankyrase homologue isotype 2 protein sequence.
XX
KW   Tankyrase homologue isotype 2; TaHo-1; TaHo-2; cell proliferation;
KW   cell cycle protein; cell cycle associated disorder; cancer; gene mapping;
KW   chromosome mapping; gene therapy; vaccine.
XX
OS   Unidentified.
XX
PN   WO200130987-A2.
XX
PD   03-MAY-2001.
XX
PF   25-OCT-2000; 2000WO-US041528.
XX
PR   25-OCT-1999;   99US-00427154.
XX
PA   (RIGE-) RIGEL PHARM INC.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B;
XX
DR   WPI; 2001-300503/31.
DR   N-PSDB; AAA91488.
XX
PT   Novel recombinant cell cycle polypeptide, tankyrase H useful for inducing
PT   or preventing cell proliferation in cells, and for diagnosing, treating
PT   or preventing cell cycle associated disorders such as cancer.
XX
PS   Claim 22; Fig 4; 63pp; English.
XX
CC   This sequence is the Tankyrase homologue isotype 2 (TaHo-2) protein of
CC   the invention. The invention also relates to the TaHo-2 protein. The TaHo
CC   proteins are useful for inducing or preventing cell proliferation in
CC   cells, and in the study or treatment of conditions mediated by the cell
CC   cycle proteins, such as to diagnose, treat or prevent cell cycle
CC   associated disorders, preferably cancer. The TaHo coding sequences are
CC   useful as hybridisation probes, in chromosome and gene mapping and in the
CC   generation of anti-sense DNA and RNA. The coding sequences are also
CC   useful for the preparation of TaHo, for generating either transgenic
CC   animals or knock out animals which, in turn, are useful in a development
CC   and screening of therapeutically useful agents, in gene therapy, as
CC   vaccine, and for construction of hybridisation probes for mapping the
CC   gene which encodes TaHo and for the genetic analysis of individuals with
CC   genetic disorders. The TaHo proteins, and their coding sequences are
CC   useful in screening assays
XX
SQ   Sequence 1240 AA;

  Query Match             100.0%;  Score 6464;  DB 4;  Length 1240;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1240;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 RCSARRGAAGGQGAQRGARVGAAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLL 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 RCSARRGAAGGQGAQRGARVGAAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLL 60

Qy         61 RLLALLLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTP 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 RLLALLLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTP 120

Qy        121 EKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 EKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEV 180

Qy        181 VNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADP 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 VNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADP 240

Qy        241 SAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKI 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 SAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKI 300

Qy        301 VQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAAS 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 VQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAAS 360

Qy        361 KNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTR 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 KNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTR 420

Qy        421 IKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHV 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 IKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHV 480

Qy        481 ASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 ASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQG 540

Qy        541 FTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQ 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 FTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQ 600

Qy        601 STPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVN 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 STPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVN 660

Qy        661 VADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGD 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGD 720

Qy        721 AALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVN 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 AALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVN 780

Qy        781 AQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLA 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLA 840

Qy        841 HGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALS 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 HGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALS 900
▼
```

```
Qy        901 SGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 SGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLG 960

Qy        961 LEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTL 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 LEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTL 1020

Qy       1021 NTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLW 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 NTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLW 1080

Qy       1081 ERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSS 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 ERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSS 1140

Qy       1141 KSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 KSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVT 1200

Qy       1201 GRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240


RESULT 2
ABG73731
ID   ABG73731 standard; protein; 1240 AA.
XX
AC   ABG73731;
XX
DT   08-APR-2003  (first entry)
XX
DE   Tankyrase H isotype 2 TaHo-2 fragment from clone K23.
XX
KW   Tankyrase; tankyrase H; cell cycle protein; growth inhibitor; TaHo-2;
KW   TaHo; cytostatic; immunostimulant; gene therapy; vaccine; cancer; tumour;
KW   cell cycle related disorder; poly ADP-ribose polymerase; PARP.
XX
OS   Unidentified.
XX
PN   WO200286170-A1.
XX
PD   31-OCT-2002.
XX
PF   25-APR-2002; 2002WO-US013185.
XX
PR   25-APR-2001; 2001US-00843159.
XX
PA   (RIGE-) RIGEL PHARM INC.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B,  Ossovskaya V;
XX
DR   WPI; 2003-093158/08.
DR   N-PSDB; ABQ77067.
XX
PT   New recombinant nucleic acid encoding a cell cycle protein, useful for
PT   diagnosing and treating a cell cycle related disorder, e.g. cancer.
XX
PS   Claim 14; Fig 4; 90pp; English.
XX
CC   This invention describes a novel recombinant nucleic acid encoding the
CC   cell cycle protein TaHo, a tankyrase H isoform. The products of the
CC   invention have cytostatic and immunostimulant activity and can be used
CC   for gene therapy and in vaccines. The cell cycle protein TaHo and the
CC   nucleic acid encoding the protein are useful for diagnosing and treating
CC   a cell cycle related disorder, e.g. cancer, or for inhibiting growth of a
CC   tumour cell. The methods are useful for screening for a bioactive agent
CC   capable of binding to a cell cycle protein tankyrase H, or a bioactive
CC   agent capable of modulating a cell cycle protein tankyrase H or PARP
CC   (poly ADP-ribose polymerase) activity. The antibodies are useful for
CC   inducing an immune response against the cell cycle proteins. This
CC   sequence represents the tankyrase H isoform 2, TaHo-2, isolated from
CC   clone K23 which is described in the disclosure of the invention
XX
SQ   Sequence 1240 AA;

  Query Match             100.0%;  Score 6464;  DB 6;  Length 1240;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1240;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 RCSARRGAAGGQGAQRGARVGAAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLL 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 RCSARRGAAGGQGAQRGARVGAAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLL 60

Qy         61 RLLALLLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTP 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 RLLALLLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTP 120

Qy        121 EKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 EKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEV 180

Qy        181 VNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADP 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 VNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADP 240

Qy        241 SAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKI 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 SAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKI 300

Qy        301 VQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAAS 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 VQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAAS 360

Qy        361 KNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTR 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 KNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTR 420

Qy        421 IKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHV 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 IKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHV 480

Qy        481 ASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 ASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQG 540

Qy        541 FTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQ 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 FTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQ 600

Qy        601 STPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVN 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 STPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVN 660

Qy        661 VADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGD 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGD 720

Qy        721 AALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVN 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 AALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVN 780

Qy        781 AQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLA 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLA 840

Qy        841 HGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALS 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 HGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALS 900

Qy        901 SGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 SGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLG 960

Qy        961 LEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTL 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 LEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTL 1020

Qy       1021 NTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLW 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 NTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLW 1080

Qy       1081 ERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSS 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 ERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSS 1140

Qy       1141 KSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 KSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVT 1200

Qy       1201 GRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240


RESULT 3
ADH69406
ID   ADH69406 standard; protein; 1240 AA.
XX
AC   ADH69406;
XX
DT   25-MAR-2004  (first entry)
XX
DE   Human  tankyrase homologue isotype 2 (TaHo-2).
XX
KW   Tankyrase H cell cycle protein; p21; gene therapy;
KW   bioactive agent screening; cancer; cytostatic; human.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   US6617102-B1.
XX
PD   09-SEP-2003.
XX
PF   25-OCT-2000; 2000US-00696668.
XX
PR   25-OCT-1999;   99US-00427154.
XX
PA   (RIGE-) RIGEL PHARM INC.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B,  Ossovskaya V;
XX
DR   WPI; 2003-895391/82.
DR   N-PSDB; ADH69415.
XX
PT   Screening for a bioactive agent capable of interfering with the binding
PT   of a tankyrase H cell cycle protein and p21 for diagnosing or treating
PT   cancer by combining a tankyrase H cell cycle protein, a candidate
PT   bioactive agent and p21.
XX
PS   Claim 1; SEQ ID NO 4; 39pp; English.
XX
CC   The invention relates to a method for screening a bioactive agent capable
CC   of interfering with the binding of a tankyrase H cell cycle protein and
CC   p21. The invention is useful in gene therapy. The method is useful for
CC   screening for a bioactive agent capable of interfering with the binding
CC   of a tankyrase H cell cycle protein and p21 for preparing a composition
CC   for diagnosing or treating cancer. The present sequence is human
CC   tankyrase homologue isotype 2 (TaHo-2).
XX
SQ   Sequence 1240 AA;

  Query Match             100.0%;  Score 6464;  DB 7;  Length 1240;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1240;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 RCSARRGAAGGQGAQRGARVGAAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLL 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 RCSARRGAAGGQGAQRGARVGAAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLL 60

Qy         61 RLLALLLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTP 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 RLLALLLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTP 120

Qy        121 EKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 EKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEV 180

Qy        181 VNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADP 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 VNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADP 240

Qy        241 SAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKI 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 SAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKI 300

Qy        301 VQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAAS 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 VQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAAS 360

Qy        361 KNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTR 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 KNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTR 420

Qy        421 IKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHV 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 IKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHV 480

Qy        481 ASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 ASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQG 540

Qy        541 FTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQ 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 FTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQ 600

Qy        601 STPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVN 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 STPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVN 660

Qy        661 VADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGD 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGD 720

Qy        721 AALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVN 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 AALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVN 780

Qy        781 AQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLA 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLA 840

Qy        841 HGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALS 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 HGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALS 900

Qy        901 SGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 SGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLG 960

Qy        961 LEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTL 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 LEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTL 1020

Qy       1021 NTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLW 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 NTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLW 1080

Qy       1081 ERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSS 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 ERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSS 1140
```

```
Qy       1141 KSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 KSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVT 1200

Qy       1201 GRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240


RESULT 4
ADY97762
ID   ADY97762 standard; protein; 1240 AA.
XX
AC   ADY97762;
XX
DT   16-JUN-2005  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase homologue isotype 2 protein SEQ ID NO:4.
XX
KW   cell cycle; cancer; cytostatic; tankyrase homologue isotype 2.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   US2005074825-A1.
XX
PD   07-APR-2005.
XX
PF   08-JUL-2003; 2003US-00616101.
XX
PR   25-OCT-1999;   99US-00427154.
PR   25-OCT-2000; 2000US-00696668.
PR   25-APR-2001; 2001US-00843159.
XX
PA   (LUOY/) LUO Y.
PA   (CHAN/) CHAN E.
PA   (XUXX/) XU X.
PA   (HUAN/) HUANG B.
PA   (OSSO/) OSSOVSKAYA V.
XX
PI   Luo Y,  Chan E,  Xu X,  Huang B,  Ossovskaya V;
XX
DR   WPI; 2005-294737/30.
DR   N-PSDB; ADY97760.
XX
PT   Novel recombinant polypeptide such as cell cycle protein e.g. tankyrase
PT   homolog, useful for screening its modulator.
XX
PS   Claim 21; SEQ ID NO 4; 75pp; English.
XX
CC   The invention relates to a recombinant polypeptide (I) such as cell cycle
CC   protein e.g. tankyrase homologue (TaHo), comprising an amino acid
CC   sequence having 85% or more sequence identity to the 1065 amino acid
CC   sequence of ADY97761 or the 1240 amino acid sequence of ADY97762. Also
CC   described: (1) diagnosing cancer, which involves determining the activity
CC   of (I) from a test sample of an individual and comparing the level with a
CC   control with a control; (2) treating (M1) an individual with a cell cycle
CC   related disorder, which involves administering to the individual an
CC   inhibitor of TaHo; (3) a recombinant nucleic acid (II) encoding (I),
CC   comprising a nucleic acid that hybridizes under high stringent conditions
CC   to a sequence complementary to the 3797 base pair sequence of ADY97759 or
CC   the 3816 base pair sequence of ADY97760, or a nucleic acid having 85% or
CC   more sequence identity to ADY97759 or ADY97760; (4) an expression vector
CC   (III) comprising (II) operably linked to regulatory sequences recognized
CC   by a host cell (IV) transformed with the nucleic acid; (5) a host cell
CC   comprising (II) or (III); (6) producing (I); (7) a polypeptide that
CC   specifically binds to (I); and (8) inhibiting (M2) growth of a tumor
CC   cell, involves contacting the tumor with a bioactive agent capable of
CC   inhibiting TaHo activity. (I) is useful for screening a bioactive agent
CC   capable of modulating (I), or screening for agents capable of interfering
CC   with the binding of (I) and P21. (M1) is useful for treating an
CC   individual with a cell cycle related disorder. (M2) is useful for
CC   inhibiting growth of a tumor cell by a bioactive agent e.g. antisense
CC   oligonucleotide. The present sequence represents the human tankyrase
CC   homologue isotype 2.
XX
SQ   Sequence 1240 AA;

  Query Match             100.0%;  Score 6464;  DB 9;  Length 1240;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1240;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 RCSARRGAAGGQGAQRGARVGAAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLL 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 RCSARRGAAGGQGAQRGARVGAAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLL 60

Qy         61 RLLALLLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTP 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 RLLALLLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTP 120

Qy        121 EKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 EKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEV 180

Qy        181 VNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADP 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 VNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADP 240

Qy        241 SAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKI 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 SAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKI 300

Qy        301 VQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAAS 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 VQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAAS 360

Qy        361 KNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTR 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 KNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTR 420

Qy        421 IKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHV 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 IKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHV 480

Qy        481 ASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 ASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQG 540

Qy        541 FTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQ 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 FTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQ 600

Qy        601 STPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVN 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 STPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVN 660

Qy        661 VADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGD 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGD 720

Qy        721 AALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVN 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 AALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVN 780

Qy        781 AQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLA 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLA 840

Qy        841 HGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALS 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 HGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALS 900

Qy        901 SGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 SGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLG 960
```

```
Qy        961 LEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTL 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 LEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTL 1020

Qy       1021 NTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLW 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 NTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLW 1080

Qy       1081 ERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSS 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 ERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSS 1140

Qy       1141 KSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 KSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVT 1200

Qy       1201 GRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240


RESULT 5
AAB66290
ID   AAB66290 standard; protein; 1262 AA.
XX
AC   AAB66290;
XX
DT   05-APR-2001  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase2 clone consensus protein SEQ ID NO: 107.
XX
KW   Human; tankyrase2; TANK2; TRF1; telomere; cancer; neoplasm; aging;
KW   inflammatory disorder.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200100849-A1.
XX
PD   04-JAN-2001.
XX
PF   28-JUN-2000; 2000WO-US017827.
XX
PR   29-JUN-1999;   99US-0141582P.
XX
PA   (ICOS-) ICOS CORP.
XX
PI   Christenson E,  Demaggio AJ,  Goldman PS,  Mcelligott DL;
XX
DR   WPI; 2001-102896/11.
DR   N-PSDB; AAF63930.
XX
PT   New tankyrase2 polypeptides, useful for treating conditions mediated by
PT   poly(adenosine diphosphate-ribose) polymerase activity e.g. cancers,
PT   inflammatory and autoimmune disorders.
XX
PS   Example 2; Page 173-176; 242pp; English.
XX
CC   The present invention provides the protein and coding sequence for the
CC   human tankyrase2 protein. This is found in two different versions,
CC   designated TANK2-LONG and TANK2-SHORT. Tankyrase2 has polyADP-
CC   ribosylation activity and is involved in the modification of TRF1, which
CC   is a telomere-specific binding protein. The regulation of telomere
CC   length, in which TRF1 has a role, is linked to ageing and cancer. The
CC   sequences are useful in the treatment of cancers and inflammatory
CC   disorders
XX
SQ   Sequence 1262 AA;

  Query Match             98.6%;  Score 6375.5;  DB 4;  Length 1262;
  Best Local Similarity   99.2%;  Pred. No. 0;
  Matches 1225;  Conservative    1;  Mismatches    8;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          6 RGAAGGQGAQRGARVGAAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLLRLLAL 65
```

```
               ||: |     |||| |  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          29 RGSRGAGSPARGAR-GRGHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLLRLLAL 87

Qy          66 LLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNS 125
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          88 LLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNS 147

Qy         126 RDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLL 185
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         148 RDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLL 207

Qy         186 RHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAV 245
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         208 RHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAV 267

Qy         246 LTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLL 305
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         268 LTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLL 327

Qy         306 QHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVE 365
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         328 QHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVE 387

Qy         366 VCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHL 425
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         388 VCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHL 447

Qy         426 SLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKA 485
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         448 SLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKA 507

Qy         486 HNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQ 545
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         508 HNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQ 567

Qy         546 MGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLH 605
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         568 MGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLH 627

Qy         606 FAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLW 665
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         628 FAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLW 687

Qy         666 KFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLD 725
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         688 KFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLD 747

Qy         726 AAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKG 785
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         748 AAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKG 807

Qy         786 GLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADP 845
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         808 GLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADP 867

Qy         846 TLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSS 905
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         868 TLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSS 927

Qy         906 PSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLM 965
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         928 PSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLM 987

Qy         966 DIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGS 1025
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         988 DIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGS 1047

Qy        1026 GTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTH 1085
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1048 GTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTH 1107

Qy        1086 RRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQY 1145
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1108 RRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQY 1167

Qy        1146 VYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1205
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1168 VYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1227

Qy        1206 NGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1228 NGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1262


RESULT 6
ADR66429
ID   ADR66429 standard; protein; 1287 AA.
XX
AC   ADR66429;
XX
DT   02-DEC-2004  (first entry)
XX
DE   Human prostatic carcinoma derived protein SEQ ID 283 #2.
XX
KW   human; cytostatic; diagnosis; prostatic cancer;
KW   differential expression analysis.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO2004076614-A2.
XX
PD   10-SEP-2004.
XX
PF   22-FEB-2004; 2004WO-DE000433.
XX
PR   27-FEB-2003; 2003DE-01009985.
PR   14-MAY-2003; 2003DE-01022134.
XX
PA   (HINZ/) HINZMANN B.
PA   (DAHL/) DAHL E.
PA   (ROSE/) ROSENTHAL A.
PA   (HERM/) HERMANN K.
PA   (PILA/) PILARSKY C.
XX
PI   Hinzmann B,  Dahl E,  Rosenthal A,  Hermann K,  Pilarsky C,  Specht T;
PI   Schmitt A,  Beckmann G,  Bruemmendorf T,  Kinnemann H,  Roepcke S;
PI   Xinzhong L,  Staub E;
XX
DR   WPI; 2004-653386/63.
XX
PT   New nucleic acids, and encoded proteins, from prostatic cancer tissue,
PT   useful for diagnosis, treatment and in screening for specific binding
PT   agents.
XX
PS   Claim 2; Page 1266; 1607pp; German.
XX
CC   This invention describes novel cytostatic polynucleotide and polypeptide
CC   sequences which can be used in a method for diagnosing prostatic cancer
CC   or the risk of developing prostatic cancer. Diagnosis is based on
CC   determining over transcription or over expression of the sequences in
CC   prostatic tissue. Screening for inhibitors of the sequences or detection
CC   substances involves a binding assay, any compounds that bind are
CC   selected, optionally after deconvolution of mixtures. Detection of a
CC   predetermined minimum level of the reporter indicates the presence of
CC   tumour cells. Inhibitors can be chosen from antisense oligonucleotides,
CC   short-interfering RNA or ribozymes; an organic molecule of molecular
CC   weight below 5000, preferably 300, that binds to the polypeptide; an
CC   aptamer against the polypeptide; a (monoclonal) antibody (Ab) against the
CC   polypeptide, preferably humanised or human; an anti-idiotype, non-human
CC   (monoclonal) antibody directed against Ab or any of the above derivatised
CC   with a reporter group, cell toxin, immunostimulatory molecules and/or
CC   radioisotope. The polynucleotides are identified in human prostatic
CC   cancer by differential expression analysis, using DNA microarrays,
CC   between normal and tumorous tissues, with (over)expression being detected
CC   by quantitative PCR. Analysis of prostatic cancer samples showed that
CC   CD24 was upregulated in many of them. Sections of tissue, isolated from
CC   prostatic cancer patients, or subjects at risk, were incubated
CC   sequentially with anti-human CD4 murine monoclonal antibodies;
CC   biotinylated second antibody; streptavidin-conjugated horseradish
CC   peroxidase and then diaminobenzidine as colour former (brown). The
CC   samples were counterstained with hemalum (blue). Malignant cells stained
CC   strongly but non-malignant cells only weakly. In 15 of 63 samples of
CC   adenocarcinoma, membrane and cytoplasmic staining was very strong, and
CC   lymph node metastases were also stained. ADR65805-ADR66954 represent the
CC   polynucleotide and polypeptide sequences used in the method of the
CC   invention.
XX
SQ   Sequence 1287 AA;

  Query Match             98.6%;  Score 6375.5;  DB 8;  Length 1287;
  Best Local Similarity   99.2%;  Pred. No. 0;
  Matches 1225;  Conservative    1;  Mismatches    8;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          6 RGAAGGQGAQRGARVGAAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLLRLLAL 65
              ||: |     |||| |  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         54 RGSRGAGSPARGAR-GRGHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLLRLLAL 112

Qy         66 LLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNS 125
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        113 LLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNS 172

Qy        126 RDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLL 185
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        173 RDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLL 232

Qy        186 RHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAV 245
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        233 RHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAV 292

Qy        246 LTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLL 305
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        293 LTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLL 352

Qy        306 QHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVE 365
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        353 QHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVE 412

Qy        366 VCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHL 425
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        413 VCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHL 472

Qy        426 SLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKA 485
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        473 SLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKA 532

Qy        486 HNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQ 545
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        533 HNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQ 592

Qy        546 MGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLH 605
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        593 MGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLH 652

Qy        606 FAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLW 665
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        653 FAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLW 712

Qy        666 KFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLD 725
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        713 KFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLD 772

Qy        726 AAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKG 785
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        773 AAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKG 832

Qy        786 GLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADP 845
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        833 GLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADP 892
```

```
Qy        846 TLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSS 905
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        893 TLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSS 952

Qy        906 PSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLM 965
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        953 PSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLM 1012

Qy        966 DIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGS 1025
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1013 DIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGS 1072

Qy       1026 GTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTH 1085
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1073 GTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTH 1132

Qy       1086 RRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQY 1145
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1133 RRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQY 1192

Qy       1146 VYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1205
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1193 VYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1252

Qy       1206 NGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1253 NGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1287


RESULT 7
ADR66087
ID   ADR66087 standard; protein; 1287 AA.
XX
AC   ADR66087;
XX
DT   02-DEC-2004  (first entry)
XX
DE   Human prostatic carcinoma derived protein SEQ ID 283 #1.
XX
KW   human; cytostatic; diagnosis; prostatic cancer;
KW   differential expression analysis.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO2004076614-A2.
XX
PD   10-SEP-2004.
XX
PF   22-FEB-2004; 2004WO-DE000433.
XX
PR   27-FEB-2003; 2003DE-01009985.
PR   14-MAY-2003; 2003DE-01022134.
XX
PA   (HINZ/) HINZMANN B.
PA   (DAHL/) DAHL E.
PA   (ROSE/) ROSENTHAL A.
PA   (HERM/) HERMANN K.
PA   (PILA/) PILARSKY C.
XX
PI   Hinzmann B,  Dahl E,  Rosenthal A,  Hermann K,  Pilarsky C,  Specht T;
PI   Schmitt A,  Beckmann G,  Bruemmendorf T,  Kinnemann H,  Roepcke S;
PI   Xinzhong L,  Staub E;
XX
DR   WPI; 2004-653386/63.
XX
PT   New nucleic acids, and encoded proteins, from prostatic cancer tissue,
PT   useful for diagnosis, treatment and in screening for specific binding
PT   agents.
XX
PS   Claim 2; Page 764; 1607pp; German.
XX
CC   This invention describes novel cytostatic polynucleotide and polypeptide
CC   sequences which can be used in a method for diagnosing prostatic cancer
CC   or the risk of developing prostatic cancer. Diagnosis is based on
CC   determining over transcription or over expression of the sequences in
CC   prostatic tissue. Screening for inhibitors of the sequences or detection
CC   substances involves a binding assay, any compounds that bind are
CC   selected, optionally after deconvolution of mixtures. Detection of a
CC   predetermined minimum level of the reporter indicates the presence of
CC   tumour cells. Inhibitors can be chosen from antisense oligonucleotides,
CC   short-interfering RNA or ribozymes; an organic molecule of molecular
CC   weight below 5000, preferably 300, that binds to the polypeptide; an
CC   aptamer against the polypeptide; a (monoclonal) antibody (Ab) against the
CC   polypeptide, preferably humanised or human; an anti-idiotype, non-human
CC   (monoclonal) antibody directed against Ab or any of the above derivatised
CC   with a reporter group, cell toxin, immunostimulatory molecules and/or
CC   radioisotope. The polynucleotides are identified in human prostatic
CC   cancer by differential expression analysis, using DNA microarrays,
CC   between normal and tumorous tissues, with (over)expression being detected
CC   by quantitative PCR. Analysis of prostatic cancer samples showed that
CC   CD24 was upregulated in many of them. Sections of tissue, isolated from
CC   prostatic cancer patients, or subjects at risk, were incubated
CC   sequentially with anti-human CD4 murine monoclonal antibodies;
CC   biotinylated second antibody; streptavidin-conjugated horseradish
CC   peroxidase and then diaminobenzidine as colour former (brown). The
CC   samples were counterstained with hemalum (blue). Malignant cells stained
CC   strongly but non-malignant cells only weakly. In 15 of 63 samples of
CC   adenocarcinoma, membrane and cytoplasmic staining was very strong, and
CC   lymph node metastases were also stained. ADR65805-ADR66954 represent the
CC   polynucleotide and polypeptide sequences used in the method of the
CC   invention.
XX
SQ   Sequence 1287 AA;

  Query Match             98.6%;  Score 6375.5;  DB 8;  Length 1287;
  Best Local Similarity   99.2%;  Pred. No. 0;
  Matches 1225;  Conservative    1;  Mismatches    8;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy        6 RGAAGGQGAQRGARVGAAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLLRLLAL 65
            ||: |     |||| |  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       54 RGSRGAGSPARGAR-GRGHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLLRLLAL 112

Qy       66 LLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNS 125
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      113 LLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNS 172

Qy      126 RDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLL 185
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      173 RDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLL 232

Qy      186 RHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAV 245
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      233 RHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAV 292

Qy      246 LTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLL 305
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      293 LTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLL 352

Qy      306 QHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVE 365
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      353 QHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVE 412

Qy      366 VCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHL 425
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      413 VCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHL 472

Qy      426 SLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKA 485
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      473 SLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKA 532

Qy      486 HNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQ 545
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      533 HNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQ 592

Qy      546 MGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLH 605
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      593 MGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLH 652

Qy      606 FAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLW 665
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      653 FAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLW 712

Qy      666 KFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLD 725
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      713 KFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLD 772

Qy      726 AAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKG 785
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      773 AAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKG 832

Qy      786 GLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADP 845
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      833 GLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADP 892

Qy      846 TLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSS 905
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      893 TLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSS 952

Qy      906 PSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLM 965
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      953 PSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLM 1012

Qy      966 DIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGS 1025
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1013 DIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGS 1072

Qy     1026 GTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTH 1085
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1073 GTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTH 1132

Qy     1086 RRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQY 1145
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1133 RRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQY 1192

Qy     1146 VYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1205
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1193 VYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1252

Qy     1206 NGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1253 NGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1287


RESULT 8
AAB66294
ID   AAB66294 standard; protein; 1385 AA.
XX
AC   AAB66294;
XX
DT   05-APR-2001  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase2 TANK2-LONG SEQ ID NO: 133.
XX
KW   Human; tankyrase2; TANK2; TRF1; telomere; cancer; neoplasm; aging;
KW   inflammatory disorder.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200100849-A1.
XX
PD   04-JAN-2001.
XX
PF   28-JUN-2000; 2000WO-US017827.
XX
PR   29-JUN-1999;   99US-0141582P.
XX
PA   (ICOS-) ICOS CORP.
XX
PI   Christenson E,  Demaggio AJ,  Goldman PS,  Mcelligott DL;
```

```
XX
DR   WPI; 2001-102896/11.
DR   N-PSDB; AAF63952.
XX
PT   New tankyrase2 polypeptides, useful for treating conditions mediated by
PT   poly(adenosine diphosphate-ribose) polymerase activity e.g. cancers,
PT   inflammatory and autoimmune disorders.
XX
PS   Claim 2; Page 191-194; 242pp; English.
XX
CC   The present invention provides the protein and coding sequence for the
CC   human tankyrase2 protein. This is found in two different versions,
CC   designated TANK2-LONG and TANK2-SHORT. Tankyrase2 has polyADP-
CC   ribosylation activity and is involved in the modification of TRF1, which
CC   is a telomere-specific binding protein. The regulation of telomere
CC   length, in which TRF1 has a role, is linked to ageing and cancer. The
CC   sequences are useful in the treatment of cancers and inflammatory
CC   disorders
XX
SQ   Sequence 1385 AA;

  Query Match             98.6%;  Score 6375.5;  DB 4;  Length 1385;
  Best Local Similarity   99.2%;  Pred. No. 0;
  Matches 1225;  Conservative    1;  Mismatches    8;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          6 RGAAGGQGAQRGARVGAAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLLRLLAL 65
              ||: |     |||| |  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        152 RGSRGAGSPARGAR-GRGHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLLRLLAL 210

Qy         66 LLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNS 125
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        211 LLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNS 270

Qy        126 RDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLL 185
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        271 RDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLL 330

Qy        186 RHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAV 245
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        331 RHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAV 390

Qy        246 LTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLL 305
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        391 LTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLL 450

Qy        306 QHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVE 365
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        451 QHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVE 510

Qy        366 VCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHL 425
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        511 VCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHL 570

Qy        426 SLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKA 485
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        571 SLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKA 630

Qy        486 HNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQ 545
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        631 HNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQ 690

Qy        546 MGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLH 605
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        691 MGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLH 750

Qy        606 FAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLW 665
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        751 FAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLW 810

Qy        666 KFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLD 725
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        811 KFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLD 870

Qy        726 AAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKG 785
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        871 AAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKG 930

Qy        786 GLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADP 845
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        931 GLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADP 990

Qy        846 TLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSS 905
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        991 TLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSS 1050

Qy        906 PSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLM 965
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1051 PSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLM 1110

Qy        966 DIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGS 1025
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1111 DIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGS 1170

Qy       1026 GTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTH 1085
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1171 GTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTH 1230

Qy       1086 RRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQY 1145
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1231 RRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQY 1290

Qy       1146 VYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1205
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1291 VYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1350

Qy       1206 NGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1351 NGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1385


RESULT 9
AAB66288
ID   AAB66288 standard; protein; 1169 AA.
XX
AC   AAB66288;
XX
DT   05-APR-2001  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase2 clone consensus protein SEQ ID NO: 101.
XX
KW   Human; tankyrase2; TANK2; TRF1; telomere; cancer; neoplasm; aging;
KW   inflammatory disorder.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200100849-A1.
XX
PD   04-JAN-2001.
XX
PF   28-JUN-2000; 2000WO-US017827.
XX
PR   29-JUN-1999;   99US-0141582P.
XX
PA   (ICOS-) ICOS CORP.
XX
PI   Christenson E,  Demaggio AJ,  Goldman PS,  Mcelligott DL;
XX
DR   WPI; 2001-102896/11.
DR   N-PSDB; AAF63926.
XX
PT   New tankyrase2 polypeptides, useful for treating conditions mediated by
PT   poly(adenosine diphosphate-ribose) polymerase activity e.g. cancers,
PT   inflammatory and autoimmune disorders.
XX
PS   Example 1; Page 162-1665; 242pp; English.
XX
```

```
CC   The present invention provides the protein and coding sequence for the
CC   human tankyrase2 protein. This is found in two different versions,
CC   designated TANK2-LONG and TANK2-SHORT. Tankyrase2 has polyADP-
CC   ribosylation activity and is involved in the modification of TRF1, which
CC   is a telomere-specific binding protein. The regulation of telomere
CC   length, in which TRF1 has a role, is linked to ageing and cancer. The
CC   sequences are useful in the treatment of cancers and inflammatory
CC   disorders
XX
SQ   Sequence 1169 AA;

  Query Match             94.7%;  Score 6121;  DB 4;  Length 1169;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1169;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy         72 ARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGR 131
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGR 60

Qy        132 KSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADP 191
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 KSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADP 120

Qy        192 NARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYK 251
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 NARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYK 180

Qy        252 KDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADV 311
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 KDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADV 240

Qy        312 HAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLL 371
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 HAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLL 300

Qy        372 SYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVN 431
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 SYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVN 360

Qy        432 FKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVE 491
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 FKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVE 420

Qy        492 VVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENV 551
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 VVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENV 480

Qy        552 QQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYN 611
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 QQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYN 540

Qy        612 RVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLH 671
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 RVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLH 600

Qy        672 EAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGC 731
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 EAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGC 660

Qy        732 LARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLH 791
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 LARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLH 720

Qy        792 NAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQE 851
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 NAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQE 780

Qy        852 GQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSA 911
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 GQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSA 840

Qy        912 ASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFERE 971
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 ASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFERE 900

Qy        972 QITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILID 1031
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 QITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILID 960

Qy       1032 LSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVS 1091
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 LSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVS 1020

Qy       1092 EENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGG 1151
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 EENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGG 1080

Qy       1152 GTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALA 1211
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALA 1140

Qy       1212 EYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
              |||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 EYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1169


RESULT 10
AAB66278
ID   AAB66278 standard; protein; 1169 AA.
XX
AC   AAB66278;
XX
DT   05-APR-2001  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase2 related protein sequence SEQ ID NO: 2.
XX
KW   Human; tankyrase2; TANK2; TRF1; telomere; cancer; neoplasm; aging;
KW   inflammatory disorder.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200100849-A1.
XX
PD   04-JAN-2001.
XX
PF   28-JUN-2000; 2000WO-US017827.
XX
PR   29-JUN-1999;   99US-0141582P.
XX
PA   (ICOS-) ICOS CORP.
XX
PI   Christenson E,  Demaggio AJ,  Goldman PS,  Mcelligott DL;
XX
DR   WPI; 2001-102896/11.
DR   N-PSDB; AAF63837.
XX
PT   New tankyrase2 polypeptides, useful for treating conditions mediated by
PT   poly(adenosine diphosphate-ribose) polymerase activity e.g. cancers,
PT   inflammatory and autoimmune disorders.
XX
PS   Disclosure; Page 109-113; 242pp; English.
XX
CC   The present invention provides the protein and coding sequence for the
CC   human tankyrase2 protein. This is found in two different versions,
CC   designated TANK2-LONG and TANK2-SHORT. Tankyrase2 has polyADP-
CC   ribosylation activity and is involved in the modification of TRF1, which
CC   is a telomere-specific binding protein. The regulation of telomere
CC   length, in which TRF1 has a role, is linked to ageing and cancer. The
CC   sequences are useful in the treatment of cancers and inflammatory
CC   disorders
XX
SQ   Sequence 1169 AA;

  Query Match             94.7%;  Score 6121;  DB 4;  Length 1169;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1169;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;
```

```
Qy         72 ARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGR 131
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGR 60

Qy        132 KSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADP 191
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 KSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADP 120

Qy        192 NARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYK 251
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 NARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYK 180

Qy        252 KDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADV 311
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 KDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADV 240

Qy        312 HAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLL 371
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 HAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLL 300

Qy        372 SYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVN 431
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 SYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVN 360

Qy        432 FKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVE 491
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 FKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVE 420

Qy        492 VVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENV 551
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 VVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENV 480

Qy        552 QQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYN 611
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 QQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYN 540

Qy        612 RVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLH 671
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 RVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLH 600

Qy        672 EAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGC 731
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 EAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGC 660

Qy        732 LARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLH 791
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 LARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLH 720

Qy        792 NAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQE 851
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 NAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQE 780

Qy        852 GQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSA 911
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 GQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSA 840

Qy        912 ASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFERE 971
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 ASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFERE 900

Qy        972 QITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILID 1031
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 QITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILID 960

Qy       1032 LSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVS 1091
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 LSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVS 1020

Qy       1092 EENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGG 1151
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 EENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGG 1080

Qy       1152 GTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALA 1211
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALA 1140

Qy       1212 EYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
              |||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 EYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1169


RESULT 11
AAB66295
ID   AAB66295 standard; protein; 1166 AA.
XX
AC   AAB66295;
XX
DT   05-APR-2001  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase2 TANK2-SHORT SEQ ID NO: 135.
XX
KW   Human; tankyrase2; TANK2; TRF1; telomere; cancer; neoplasm; aging;
KW   inflammatory disorder.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200100849-A1.
XX
PD   04-JAN-2001.
XX
PF   28-JUN-2000; 2000WO-US017827.
XX
PR   29-JUN-1999;   99US-0141582P.
XX
PA   (ICOS-) ICOS CORP.
XX
PI   Christenson E,  Demaggio AJ,  Goldman PS,  Mcelligott DL;
XX
DR   WPI; 2001-102896/11.
DR   N-PSDB; AAF63953.
XX
PT   New tankyrase2 polypeptides, useful for treating conditions mediated by
PT   poly(adenosine diphosphate-ribose) polymerase activity e.g. cancers,
PT   inflammatory and autoimmune disorders.
XX
PS   Claim 3; Page 200-203; 242pp; English.
XX
CC   The present invention provides the protein and coding sequence for the
CC   human tankyrase2 protein. This is found in two different versions,
CC   designated TANK2-LONG and TANK2-SHORT. Tankyrase2 has polyADP-
CC   ribosylation activity and is involved in the modification of TRF1, which
CC   is a telomere-specific binding protein. The regulation of telomere
CC   length, in which TRF1 has a role, is linked to ageing and cancer. The
CC   sequences are useful in the treatment of cancers and inflammatory
CC   disorders
XX
SQ   Sequence 1166 AA;

  Query Match             94.5%;  Score 6108;  DB 4;  Length 1166;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1166;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy         75 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 134
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 60

Qy        135 PLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 194
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 120

Qy        195 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 254
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 180

Qy        255 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 314
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      181 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 240

Qy      315 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 374
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      241 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 300

Qy      375 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 434
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      301 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 360

Qy      435 PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVV 494
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      361 PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVV 420

Qy      495 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 554
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      421 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 480

Qy      555 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 614
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      481 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 540

Qy      615 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 674
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      541 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 600

Qy      675 AKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLAR 734
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      601 AKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLAR 660

Qy      735 VKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAA 794
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      661 VKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAA 720

Qy      795 SYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQT 854
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      721 SYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQT 780

Qy      855 PLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASS 914
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      781 PLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASS 840

Qy      915 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQIT 974
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      841 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQIT 900

Qy      975 LDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP 1034
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      901 LDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP 960

Qy     1035 DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEEN 1094
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      961 DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEEN 1020

Qy     1095 HNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1154
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1021 HNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1080

Qy     1155 CPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYV 1214
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1081 CPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYV 1140

Qy     1215 IYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
            ||||||||||||||||||||||||||
Db     1141 IYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1166


RESULT 12
ADR14792
ID   ADR14792 standard; protein; 1166 AA.
XX
AC   ADR14792;
XX
DT   04-NOV-2004  (first entry)
XX
DE   Amino acid sequence of human MAPCAX orthologue #24.
XX
KW   adenomatous polyposis coli protein; APC; axin pathway;
KW   modifier of APC and axin; MAPCAX; cancer; human.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO2004066948-A2.
XX
PD   12-AUG-2004.
XX
PF   28-JAN-2004; 2004WO-US002338.
XX
PR   29-JAN-2003; 2003US-0443484P.
PR   11-FEB-2003; 2003US-0447358P.
PR   10-APR-2003; 2003US-0461789P.
PR   14-MAY-2003; 2003US-0470684P.
PR   19-JUN-2003; 2003US-0479650P.
XX
PA   (EXEL-) EXELIXIS INC.
XX
PI   Gendreau SB,  Morablanco EL,  Lickteig K,  Zhang H;
XX
DR   WPI; 2004-580849/56.
DR   N-PSDB; ADR14766.
XX
PT   Identifying a candidate adenomatous polyposis coli protein (APC) and axin
PT   pathways modulating agent for treating cancer by contacting an assay
PT   system comprising a modifier of APC and axin polypeptide or nucleic acid
PT   with a test agent.
XX
PS   Example 1; SEQ ID NO 50; 199pp; English.
XX
CC   The specification describes a method for identifying a candidate
CC   adenomatous polyposis coli protein (APC) and axin pathways modulating
CC   agents. The method comprises providing an assay system comprising a
CC   modifier of APC and axin (MAPCAX) polypeptide or nucleic acid, contacting
CC   the assay system with a test agent under conditions where, except for the
CC   presence of the test agent, the system provides a reference activity, and
CC   detecting a test agent-biased activity of the assay system, where a
CC   difference between the test agent-biased activity and the reference
CC   activity identifies the test agent as a candidate APC and axin pathways
CC   modulating agent. The method is useful in identifying a candidate
CC   adenomatous polyposis coli protein (APC) and a pathways modulating agent,
CC   which are useful for preparing a composition for diagnosing or treating
CC   cancer. The present sequence represents a human orthologue of a
CC   Caenorhabditis elegans MAPCAX polypeptide. The sequence was identified
CC   using BLAST analysis.
XX
SQ   Sequence 1166 AA;

  Query Match             94.5%;  Score 6108;  DB 8;  Length 1166;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1166;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       75 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 134
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 60

Qy      135 PLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 194
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       61 PLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 120

Qy      195 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 254
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      121 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 180

Qy      255 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 314
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      181 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 240
```

```
Qy        315 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 374
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 300

Qy        375 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 434
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 360

Qy        435 PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVV 494
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVV 420

Qy        495 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 554
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 480

Qy        555 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 614
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 540

Qy        615 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 674
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 600

Qy        675 AKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLAR 734
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 AKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLAR 660

Qy        735 VKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAA 794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAA 720

Qy        795 SYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQT 854
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 SYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQT 780

Qy        855 PLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASS 914
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 PLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASS 840

Qy        915 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQIT 974
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQIT 900

Qy        975 LDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP 1034
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 LDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP 960

Qy       1035 DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEEN 1094
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEEN 1020

Qy       1095 HNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1154
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 HNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1080

Qy       1155 CPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYV 1214
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 CPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYV 1140

Qy       1215 IYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
              ||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 IYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1166


RESULT 13
AAB27211
ID   AAB27211 standard; protein; 1166 AA.
XX
AC   AAB27211;
XX
DT   27-FEB-2001  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase II protein sequence SEQ ID NO: 6.
XX
KW   Human; tankyrase II; telomere length; signal transduction.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   Misc-difference 124
FT                   /note= "encoded by TTA"
FT   Misc-difference 125
FT                   /note= "encoded by TAC"
XX
PN   WO200061813-A1.
XX
PD   19-OCT-2000.
XX
PF   10-APR-2000; 2000WO-US009558.
XX
PR   09-APR-1999;   99US-0128577P.
PR   13-APR-1999;   99US-0129123P.
XX
PA   (GERO-) GERON CORP.
XX
PI   Morin GB,  Funk WD,  Piatyszek MA;
XX
DR   WPI; 2000-679503/66.
DR   N-PSDB; AAC66825.
XX
PT   Novel mammalian Tankyrase II polypeptide and the polynucleotide encoding
PT   the polypeptide useful for modulating or maintaining telomere length,
PT   replicative capacity, apoptosis, chromosome packing or gene expression.
XX
PS   Claim 4; Fig 4; 52pp; English.
XX
CC   The present sequence is a version of the human tankyrase II protein
CC   sequence. The protein is thought to be involved in signal transduction in
CC   the cell, and to have binding activity for other telomere-associated
CC   proteins. It is possible that it plays a role in the regulation of
CC   telomere length, thus affecting the replicative ability of the cell. The
CC   protein is useful for ribosylating target proteins, for determining
CC   tankyrase II binding activity in a sample, and for modulating telomere
CC   length in a cell
XX
SQ   Sequence 1166 AA;

  Query Match             94.2%;  Score 6092;  DB 3;  Length 1166;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 1164;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy         75 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 134
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 60

Qy        135 PLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 194
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 120

Qy        195 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 254
              ||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 DNWNTYPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 180

Qy        255 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 314
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 240

Qy        315 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 374
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 300

Qy        375 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 434
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 360
```

```
Qy         435 PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVV 494
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         361 PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVV 420

Qy         495 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 554
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         421 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 480

Qy         555 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 614
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         481 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 540

Qy         615 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 674
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         541 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 600

Qy         675 AKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLAR 734
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         601 AKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLAR 660

Qy         735 VKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAA 794
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         661 VKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAA 720

Qy         795 SYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQT 854
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         721 SYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQT 780

Qy         855 PLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASS 914
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         781 PLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASS 840

Qy         915 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQIT 974
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         841 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQIT 900

Qy         975 LDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP 1034
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         901 LDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP 960

Qy        1035 DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEEN 1094
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         961 DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEEN 1020

Qy        1095 HNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1154
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1021 HNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1080

Qy        1155 CPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYV 1214
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1081 CPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYV 1140

y         1215 IYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
               ||||||||||||||||||||||||||
b         1141 IYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1166


ESULT 14
BP69457
D   ABP69457 standard; protein; 1166 AA.
X
C   ABP69457;
X
T   20-JAN-2003  (first entry)
X
E   Human polypeptide SEQ ID NO 1504.
X
W   Human; genome mapping; gene therapy; food supplement; virus; fungus;
W   cell-proliferative disorder; neurodegenerative disease; bacterial;
W   Parkinson's disease; Alzheimer's disease; autoimmune disease;
W   multiple sclerosis; diabetes; genetic disorder; wound; burn; infection;
W   arthritis; cytostatic; immunomodulator; nootropic; neuroprotective;
```

```
KW   antiparkinsonian; antidiabetic; immunosuppressive; dermatological;
KW   haemostatic; vulnerary; fungicide; antibacterial; virucide; protozoacide;
KW   antiarthritic.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200270539-A2.
XX
PD   12-SEP-2002.
XX
PF   05-MAR-2002; 2002WO-US005095.
XX
PR   05-MAR-2001; 2001US-00799451.
XX
PA   (HYSE-) HYSEQ INC.
XX
PI   Tang YT,  Zhou P,  Goodrich RW,  Asundi V,  Zhang J,  Zhao QA,  Ren F;
PI   Xue AJ,  Yang Y,  Ma Y,  Yamazaki V,  Chen R,  Wang Z,  Ghosh M;
PI   Wehrman T,  Wang J,  Wang D,  Drmanac RT;
XX
DR   WPI; 2002-759812/82.
DR   N-PSDB; ABZ11674.
XX
PT   New polynucleotides comprising sequences assembled from expressed
PT   sequence tags (ESTs), useful for treating cell-proliferative,
PT   neurodegenerative, autoimmune, genetic, myeloid or lymphoid, or platelet
PT   or coagulation disorders.
XX
PS   Claim 9; SEQ ID NO 1504; 1012pp + Sequence Listing; English.
XX
CC   The invention relates to an isolated polynucleotide (I) comprising a
CC   nucleotide sequence selected from any of 948 sequences (ABZ11119-
CC   ABZ12066) or their mature protein coding portion, active domain coding
CC   protein or complementary sequences. The polynucleotides are useful for
CC   identifying expressed genes or for physical mapping of human genome. The
CC   encoded polypeptides (ABP68902-ABP69849) are useful as molecular weight
CC   markers, as a food supplement, for generating antibodies, in medical
CC   imaging, screening and diagnostic assays and for treating cell-
CC   proliferative disorders (cancer), neurodegenerative diseases (Parkinson's
CC   or Alzheimer's disease), autoimmune diseases (multiple sclerosis,
CC   diabetes, lupus) genetic disorders, myeloid or lymphoid disorders,
CC   platelet or coagulation disorders, wound, burns, incision, ulcers, liver
CC   or lung fibrosis, infections (bacterial, viral, fungal, parasitic),
CC   arthritis, etc. Note: The sequence data for this patent did not form part
CC   of the printed specification, but was obtained in electronic format
CC   directly from WIPO at ftp.wipo.int/pub/published_pct_sequences
XX
SQ   Sequence 1166 AA;

  Query Match             94.2%;  Score 6088;  DB 5;  Length 1166;
  Best Local Similarity   99.7%;  Pred. No. 0;
  Matches 1163;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          75 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 134
               |||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Db           1 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACPNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKIH 60

Qy         135 PLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 194
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          61 PLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 120

Qy         195 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 254
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         121 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 180

Qy         255 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 314
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         181 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 240

Qy         315 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 374
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         241 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 300
```

```
Qy           375 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 434
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           301 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 360

Qy           435 PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVV 494
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           361 PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVV 420

Qy           495 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 554
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           421 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 480

Qy           555 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 614
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           481 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 540

Qy           615 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 674
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           541 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 600

Qy           675 AKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLAR 734
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           601 AKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLAR 660

Qy           735 VKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAA 794
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           661 VKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAA 720

Qy           795 SYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQT 854
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           721 SYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQT 780

Qy           855 PLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASS 914
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           781 PLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASS 840

Qy           915 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQIT 974
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           841 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQIT 900

Qy           975 LDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP 1034
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           901 LDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP 960

Qy          1035 DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEEN 1094
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           961 DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEEN 1020

Qy          1095 HNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1154
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1021 HNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1080

Qy          1155 CPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYV 1214
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1081 CPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYV 1140

Qy          1215 IYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
                 ||||||||||||||||||||||||||
Db          1141 IYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1166

RESULT 15
AAY72589
ID   AAY72589 standard; protein; 1166 AA.
XX
AC   AAY72589;
XX
DT   02-MAY-2001  (first entry)
XX
DE   Human tankyrase homolog protein (THP).
XX
KW   Human; tankyrase homolog protein; THP; gene therapy; cancer; tumour;
KW   basal cell carcinoma; therapy; genetic mapping; cytostatic.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   Misc-difference 368
FT                   /label= Met, Leu, Val
FT   Misc-difference 392
FT                   /label= Asn, Thr
FT   Misc-difference 415
FT                   /label= Val, Ile
FT   Misc-difference 558
FT                   /label= Gly, Glu
FT   Misc-difference 559
FT                   /label= Gly, Ala
FT   Misc-difference 764
FT                   /label= Leu, Val
FT   Misc-difference 884
FT                   /label= Asn, His, Asp, Tyr
XX
PN   WO200104326-A1.
XX
PD   18-JAN-2001.
XX
PF   03-JUL-2000; 2000WO-EP006609.
XX
PR   09-JUL-1999;   99US-00350982.
XX
PA   (PHAA ) PHARMACIA & UPJOHN SPA.
XX
PI   Berthelsen J,  Toma S,  Isacchi A;
XX
DR   WPI; 2001-168422/17.
DR   N-PSDB; AAD02578.
XX
PT   New tankyrase homolog protein (THP) polynucleotide and polypeptide useful
PT   in gene therapy, diagnosis and treatment or prevention of unregulated
PT   cell growth, such as cancer or tumor cell growth.
XX
PS   Claim 20; Page 50-54; 60pp; English.
XX
CC   The present sequence is human tankyrase homolog protein (THP). The THP
CC   polypeptides and polynucleotides of the invention are useful in gene
CC   therapy and for treating or preventing unregulated cell growth such as
CC   cancer or tumour (e.g. basal cell carcinoma). The nucleic acid molecules
CC   of the invention and their fragments are useful for restriction fragment
CC   length polymorphism (RFLP) associated with certain disorders, as well as
CC   for genetic mapping. Antisense oligonucleotides, or fragments of nucleic
CC   acid encoding THP are useful as diagnostic tools for probing the
CC   expression of Thp gene in various tissues. THP can be used as antigens
CC   for raising antibodies against them and in assays for identifying
CC   compounds that modulate their activity. They are used in the manufacture
CC   of a medicament directed towards cancers or tumours. THP are also useful
CC   for screening compounds in a variety of drugs screening techniques and as
CC   a research tool for identification, characterisation and purification of
CC   interacting, regulatory proteins
XX
SQ   Sequence 1166 AA;

  Query Match             93.6%;  Score 6053;  DB 4;  Length 1166;
  Best Local Similarity   99.2%;  Pred. No. 0;
  Matches 1157;  Conservative    0;  Mismatches    9;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy            75 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 134
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db             1 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 60

Qy           135 PLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 194
                 ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            61 PLHLAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 120

Qy           195 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 254
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           121 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 180
```

```
Qy        255 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 314
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 240

Qy        315 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 374
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 300

Qy        375 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 434
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 360

Qy        435 PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVV 494
              ||||||| ||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||| |||||
Db        361 PQTHETAXHCAAASPYPKRKQICELLLRKGAXINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDXVEVVV 420

Qy        495 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 554
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 480

Qy        555 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 614
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 540

Qy        615 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 674
              |||||||||||||||||  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 VVEYLLQHGADVHAKDKXXLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 600

Qy        675 AKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLAR 734
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Db        601 AKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKSCLAR 660

Qy        735 VKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAA 794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAA 720

Qy        795 SYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQT 854
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Db        721 SYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALXLAHGADPTLKNQEGQT 780

Qy        855 PLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASS 914
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 PLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASS 840

Qy        915 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQIT 974
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Db        841 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRXLGLEHLMDIFEREQIT 900

Qy        975 LDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP 1034
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 LDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP 960

Qy       1035 DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEEN 1094
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEEN 1020

Qy       1095 HNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1154
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 HNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1080

Qy       1155 CPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYV 1214
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 CPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYV 1140

Qy       1215 IYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
              ||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 IYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1166

Search completed: December 18, 2006, 17:26:49
Job time : 168.464 secs
```

```
                  GenCore version 5.1.9
         Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.


OM protein - protein search, using sw model

Run on:          December 18, 2006, 17:51:56 ; Search time 153.857 Seconds
                                              (without alignments)
                                              3733.253 Million cell updates/sec

Title:           US-10-616-101-4
Perfect score:   6464
Sequence:        1 RCSARRGAAGGQGAQRGARV..........AYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240

Scoring table:   BLOSUM62
                 Gapop 10.0 , Gapext 0.5

Searched:        2097797 seqs, 463214858 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      2097797

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       Published_Applications_AA_Main:*
                1:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpaa/US07_PUBCOMB.pep:*
                2:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpaa/US08_PUBCOMB.pep:*
                3:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpaa/US09_PUBCOMB.pep:*
                4:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpaa/US10A_PUBCOMB.pep:*
                5:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpaa/US10B_PUBCOMB.pep:*
                6:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/pubpaa/US11_PUBCOMB.pep:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                                   SUMMARIES
                  %                                 Prior art
Result          Query                               (✓)
  No.   Score   Match Length DB  ID                              Description
--------------------------------------------------------------------------------
   1     6464   100.0   1240  5  US-10-616-101-4                 Sequence 4, Appli
 • 2   6375.5    98.6   1262  4  US-10-199-937-107   ✓           Sequence 107, App
 • 3   6375.5    98.6   1385  4  US-10-199-937-133   ✓           Sequence 133, App
   4     6121    94.7   1169  4  US-10-199-937-2                 Sequence 2, Appli
   5     6121    94.7   1169  4  US-10-199-937-101               Sequence 101, App
   6     6108    94.5   1166  3  US-09-972-115A-6                Sequence 6, Appli
   7     6108    94.5   1166  4  US-10-163-587A-15               Sequence 15, Appl
   8     6108    94.5   1166  4  US-10-199-937-135               Sequence 135, App
   9     5877    90.9   1227  3  US-09-849-602-26                Sequence 26, Appl
  10     5766    89.2   1100  5  US-10-616-101-8                 Sequence 8, Appli
  11     5760    89.1   1100  5  US-10-616-101-11                Sequence 11, Appl
  12     5656    87.5   1083  5  US-10-616-101-12                Sequence 12, Appl
  13     5602    86.7   1074  3  US-09-509-196A-2                Sequence 2, Appli
  14     5582    86.4   1065  5  US-10-616-101-3                 Sequence 3, Appli
  15     5452    84.3   1267  3  US-09-972-115A-4                Sequence 4, Appli
  16   5103.5    79.0   1327  3  US-09-841-835-2                 Sequence 2, Appli
  17   5103.5    79.0   1327  3  US-09-972-115A-8                Sequence 8, Appli
  18   5103.5    79.0   1327  4  US-10-199-937-4                 Sequence 4, Appli
  19   5031.5    77.8   1333  3  US-09-972-115A-2                Sequence 2, Appli
  20     4102    63.5    784  4  US-10-199-937-89                Sequence 89, Appl
  21     4005    62.0   1181  6  US-11-097-143-9474              Sequence 9474, Ap
  22     3997    61.8   1181  4  US-10-199-937-139               Sequence 139, App
  23     3959    61.2    756  4  US-10-199-937-91                Sequence 91, Appl
  24     3938    60.9    802  3  US-09-964-899-41                Sequence 41, Appl
  25     3938    60.9    802  5  US-10-975-523-41                Sequence 41, Appl
  26     3307    51.2    949  3  US-09-841-835-10                Sequence 10, Appl
  27     2913    45.1    583  5  US-10-616-101-10                Sequence 10, Appl
```

```
  28     2722    42.1    522  4  US-10-199-937-99                Sequence 99, Appl
  29     2165    33.5    415  4  US-10-276-774-1690              Sequence 1690, Ap
  30   2132.5    33.0    673  3  US-09-841-835-8                 Sequence 8, Appli
  31   2056.5    31.8   1099  4  US-10-199-937-178               Sequence 178, App
  32     1895    29.3    362  4  US-10-199-937-160               Sequence 160, App
  33     1736    26.9    338  5  US-10-616-101-9                 Sequence 9, Appli
  34      895    13.8   1765  5  US-10-055-877-140               Sequence 140, App
  35    892.5    13.8   4274  5  US-10-450-763-31331             Sequence 31331, A
  36    892.5    13.8   4377  5  US-10-756-149-4917              Sequence 4917, Ap
  37    892.5    13.8   4384  5  US-10-821-234-1120              Sequence 1120, Ap
  38    892.5    13.8   4386  5  US-10-450-763-37734             Sequence 37734, A
  39      889    13.8   1940  5  US-10-055-877-141               Sequence 141, App
  40    888.5    13.7   1762  4  US-10-205-194-117               Sequence 117, App
  41    886.5    13.7    215  4  US-10-199-937-105               Sequence 105, App
  42      877    13.6   1330  4  US-10-108-260A-3237             Sequence 3237, Ap
  43      874    13.5    160  3  US-09-972-115A-20               Sequence 20, Appl
  44      874    13.5    160  4  US-10-199-937-46                Sequence 46, Appl
  45    869.5    13.5   4397  5  US-10-450-763-52303             Sequence 52303, A


                                  ALIGNMENTS


RESULT 1
US-10-616-101-4
; Sequence 4, Application US/10616101
; Publication No. US20050074825A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  APPLICANT:  Ossovskaya, Valeria
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods c
;  FILE REFERENCE: RIGL-010CIP3
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/616,101
;  CURRENT FILING DATE:  2003-07-08
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/843,159
;  PRIOR FILING DATE: 2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 19
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 4
;   LENGTH: 1240
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-616-101-4

  Query Match             100.0%;  Score 6464;  DB 5;  Length 1240;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1240;  Conservative   0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 RCSARRGAAGGQGAQRGARVGAAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLL 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 RCSARRGAAGGQGAQRGARVGAAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLL 60

Qy         61 RLLALLLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTP 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 RLLALLLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTP 120

Qy        121 EKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 EKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEV 180

Qy        181 VNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADP 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 VNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADP 240

Qy        241 SAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKI 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      241 SAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKI 300

Qy      301 VQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAAS 360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      301 VQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAAS 360

Qy      361 KNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTR 420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      361 KNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTR 420

Qy      421 IKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHV 480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      421 IKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHV 480

Qy      481 ASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQG 540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      481 ASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQG 540

Qy      541 FTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQ 600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      541 FTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQ 600

Qy      601 STPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVN 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      601 STPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVN 660

Qy      661 VADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGD 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      661 VADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGD 720

Qy      721 AALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVN 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      721 AALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVN 780

Qy      781 AQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLA 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      781 AQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLA 840

Qy      841 HGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALS 900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      841 HGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALS 900

Qy      901 SGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLG 960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      901 SGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLG 960

Qy      961 LEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTL 1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      961 LEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTL 1020

Qy     1021 NTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLW 1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1021 NTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLW 1080

Qy     1081 ERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSS 1140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1081 ERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSS 1140

Qy     1141 KSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVT 1200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1141 KSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVT 1200

Qy     1201 GRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1201 GRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240

RESULT 2
US-10-199-937-107
; Sequence 107, Application US/10199937
; Publication No. US20030190739A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Christenson, Erik
```

```
;  APPLICANT:  DeMaggio, Anthony J.
;  APPLICANT:  Goldman, Phyllis S.
;  APPLICANT:  McElligott, David L.
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE2 MATERIALS AND METHODS
;  FILE REFERENCE: 27866/36559
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/199,937
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/606,035
;  PRIOR FILING DATE: 2000-06-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/141,582
;  PRIOR FILING DATE: 1999-06-29
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 107
;   LENGTH: 1262
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-199-937-107

  Query Match             98.6%;  Score 6375.5;  DB 4;  Length 1262;
  Best Local Similarity   99.2%;  Pred. No. 0;
  Matches 1225;  Conservative    1;  Mismatches    8;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy        6 RGAAGGQGAQRGARVGAAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLLRLLAL 65
            ||: |     |||| |  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       29 RGSRGAGSPARGAR-GRGHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLLRLLAL 87

Qy       66 LLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNS 125
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       88 LLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNS 147

Qy      126 RDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLL 185
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      148 RDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLL 207

Qy      186 RHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAV 245
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      208 RHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAV 267

Qy      246 LTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLL 305
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      268 LTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLL 327

Qy      306 QHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVE 365
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      328 QHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVE 387

Qy      366 VCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHL 425
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      388 VCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHL 447

Qy      426 SLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKA 485
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      448 SLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKA 507

Qy      486 HNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQ 545
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      508 HNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQ 567

Qy      546 MGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLH 605
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      568 MGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLH 627

Qy      606 FAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLW 665
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      628 FAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLW 687

Qy      666 KFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLD 725
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      688 KFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLD 747

Qy      726 AAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKG 785
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          748 AAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKG 807

Qy          786 GLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADP 845
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          808 GLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADP 867

Qy          846 TLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSS 905
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          868 TLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSS 927

Qy          906 PSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLM 965
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          928 PSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLM 987

Qy          966 DIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGS 1025
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          988 DIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGS 1047

Qy         1026 GTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTH 1085
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1048 GTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTH 1107

Qy         1086 RRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQY 1145
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1108 RRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQY 1167

Qy         1146 VYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1205
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1168 VYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1227

Qy         1206 NGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1228 NGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1262

RESULT 3
US-10-199-937-133
; Sequence 133, Application US/10199937
; Publication No. US20030190739A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Christenson, Erik
;  APPLICANT:  DeMaggio, Anthony J.
;  APPLICANT:  Goldman, Phyllis S.
;  APPLICANT:  McElligott, David L.
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE2 MATERIALS AND METHODS
;  FILE REFERENCE: 27866/36559
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/199,937
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/606,035
;  PRIOR FILING DATE: 2000-06-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/141,582
;  PRIOR FILING DATE: 1999-06-29
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 133
;   LENGTH: 1385
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-199-937-133

  Query Match             98.6%;  Score 6375.5;  DB 4;  Length 1385;
  Best Local Similarity   99.2%;  Pred. No. 0;
  Matches 1225;  Conservative    1;  Mismatches    8;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy            6 RGAAGGQGAQRGARVGAAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLLRLLAL 65
                ||: |     |||| |  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          152 RGSRGAGSPARGAR-GRGHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLLRLLAL 210

Qy           66 LLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNS 125
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          211 LLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNS 270

Qy          126 RDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLL 185
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          271 RDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLL 330

Qy          186 RHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAV 245
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          331 RHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAV 390

Qy          246 LTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLL 305
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          391 LTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLL 450

Qy          306 QHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVE 365
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          451 QHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVE 510

Qy          366 VCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHL 425
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          511 VCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHL 570

Qy          426 SLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKA 485
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          571 SLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKA 630

Qy          486 HNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQ 545
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          631 HNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQ 690

Qy          546 MGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLH 605
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          691 MGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLH 750

Qy          606 FAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLW 665
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          751 FAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLW 810

Qy          666 KFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLD 725
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          811 KFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLD 870

Qy          726 AAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKG 785
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          871 AAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKG 930

Qy          786 GLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADP 845
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          931 GLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADP 990

Qy          846 TLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSS 905
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          991 TLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSS 1050

Qy          906 PSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLM 965
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1051 PSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLM 1110

Qy          966 DIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGS 1025
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1111 DIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGS 1170

Qy         1026 GTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTH 1085
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1171 GTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTH 1230

Qy         1086 RRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQY 1145
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1231 RRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQY 1290

Qy         1146 VYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1205
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1291 VYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1350

Qy         1206 NGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1351 NGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1385

RESULT 4
US-10-199-937-2
; Sequence 2, Application US/10199937
; Publication No. US20030190739A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Christenson, Erik
;  APPLICANT:  DeMaggio, Anthony J.
;  APPLICANT:  Goldman, Phyllis S.
;  APPLICANT:  McElligott, David L.
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE2 MATERIALS AND METHODS
;  FILE REFERENCE: 27866/36559
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/199,937
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/606,035
;  PRIOR FILING DATE: 2000-06-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/141,582
;  PRIOR FILING DATE: 1999-06-29
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 2
;   LENGTH: 1169
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-199-937-2

  Query Match             94.7%;  Score 6121;  DB 4;  Length 1169;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1169;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy         72 ARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGR 131
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGR 60

Qy        132 KSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADP 191
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 KSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADP 120

Qy        192 NARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYK 251
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 NARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYK 180

Qy        252 KDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADV 311
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 KDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADV 240

Qy        312 HAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLL 371
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 HAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLL 300

Qy        372 SYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVN 431
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 SYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVN 360

Qy        432 FKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVE 491
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 FKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVE 420

Qy        492 VVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENV 551
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 VVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENV 480

Qy        552 QQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYN 611
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 QQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYN 540

Qy        612 RVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLH 671
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 RVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLH 600

Qy        672 EAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGC 731
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 EAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGC 660

Qy        732 LARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLH 791
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 LARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLH 720

Qy        792 NAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQE 851
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 NAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQE 780

Qy        852 GQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSA 911
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 GQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSA 840

Qy        912 ASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFERE 971
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 ASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFERE 900

Qy        972 QITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILID 1031
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 QITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILID 960

Qy       1032 LSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVS 1091
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 LSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVS 1020

Qy       1092 EENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGG 1151
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 EENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGG 1080

Qy       1152 GTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALA 1211
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALA 1140

Qy       1212 EYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
              |||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 EYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1169


RESULT 5
US-10-199-937-101
; Sequence 101, Application US/10199937
; Publication No. US20030190739A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Christenson, Erik
;  APPLICANT:  DeMaggio, Anthony J.
;  APPLICANT:  Goldman, Phyllis S.
;  APPLICANT:  McElligott, David L.
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE2 MATERIALS AND METHODS
;  FILE REFERENCE: 27866/36559
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/199,937
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/606,035
;  PRIOR FILING DATE: 2000-06-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/141,582
;  PRIOR FILING DATE: 1999-06-29
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 101
;   LENGTH: 1169
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-199-937-101

  Query Match             94.7%;  Score 6121;  DB 4;  Length 1169;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1169;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy         72 ARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGR 131
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGR 60
```

```
Qy        132 KSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADP 191
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 KSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADP 120

Qy        192 NARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYK 251
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 NARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYK 180

Qy        252 KDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADV 311
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 KDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADV 240

Qy        312 HAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLL 371
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 HAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLL 300

Qy        372 SYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVN 431
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 SYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVN 360

Qy        432 FKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVE 491
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 FKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVE 420

Qy        492 VVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENV 551
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 VVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENV 480

Qy        552 QQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYN 611
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 QQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYN 540

Qy        612 RVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLH 671
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 RVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLH 600

Qy        672 EAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGC 731
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 EAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGC 660

Qy        732 LARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLH 791
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 LARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLH 720

Qy        792 NAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQE 851
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 NAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQE 780

Qy        852 GQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSA 911
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 GQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSA 840

Qy        912 ASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFERE 971
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 ASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFERE 900

Qy        972 QITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILID 1031
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 QITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILID 960

Qy       1032 LSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVS 1091
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 LSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVS 1020

Qy       1092 EENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGG 1151
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 EENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGG 1080

Qy       1152 GTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALA 1211
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALA 1140

Qy       1212 EYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
              |||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 EYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1169
```

```
RESULT 6
US-09-972-115A-6
; Sequence 6, Application US/09972115A
; Publication No. US20030032769A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:  Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 6
;   LENGTH: 1166
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-972-115A-6

  Query Match             94.5%;  Score 6108;  DB 3;  Length 1166;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1166;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy         75 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 134
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 60

Qy        135 PLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 194
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 120

Qy        195 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 254
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 180

Qy        255 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 314
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 240

Qy        315 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 374
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 300

Qy        375 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 434
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 360

Qy        435 PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVV 494
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVV 420

Qy        495 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 554
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 480

Qy        555 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 614
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 540

Qy        615 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 674
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 600
```

```
Qy        675 AKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLAR 734
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 AKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLAR 660

Qy        735 VKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAA 794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAA 720

Qy        795 SYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQT 854
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 SYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQT 780

Qy        855 PLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASS 914
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 PLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASS 840

Qy        915 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQIT 974
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQIT 900

Qy        975 LDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP 1034
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 LDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP 960

Qy       1035 DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEEN 1094
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEEN 1020

Qy       1095 HNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1154
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 HNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1080

Qy       1155 CPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYV 1214
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 CPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYV 1140

Qy       1215 IYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
              ||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 IYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1166


RESULT 7
US-10-163-587A-15
; Sequence 15, Application US/10163587A
; Publication No. US20030096263A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Oliveira, Marcos
;  TITLE OF INVENTION: SELECTIVE PARP-1 TARGETING FOR DESIGNING CHEMO/RADIO SENSITIZING
;  FILE REFERENCE: 50229-306
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/163,587A
;  CURRENT FILING DATE:  2003-01-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/296,110
;  PRIOR FILING DATE: 2001-06-07
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 40
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 15
;   LENGTH: 1166
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-163-587A-15

  Query Match             94.5%;  Score 6108;  DB 4;  Length 1166;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1166;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy         75 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 134
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 60

Qy        135 PLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 194
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 120

Qy        195 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 254
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 180

Qy        255 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 314
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 240

Qy        315 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 374
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 300

Qy        375 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 434
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 360

Qy        435 PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVV 494
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVV 420

Qy        495 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 554
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 480

Qy        555 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 614
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 540

Qy        615 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 674
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 600

Qy        675 AKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLAR 734
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 AKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLAR 660

Qy        735 VKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAA 794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAA 720

Qy        795 SYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQT 854
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 SYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQT 780

Qy        855 PLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASS 914
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 PLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASS 840

Qy        915 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQIT 974
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQIT 900

Qy        975 LDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP 1034
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 LDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP 960

Qy       1035 DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEEN 1094
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEEN 1020

Qy       1095 HNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1154
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 HNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1080

Qy       1155 CPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYV 1214
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 CPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYV 1140

Qy       1215 IYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
              ||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 IYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1166
```

```
RESULT 8
US-10-199-937-135
; Sequence 135, Application US/10199937
; Publication No. US20030190739A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Christenson, Erik
;  APPLICANT:  DeMaggio, Anthony J.
;  APPLICANT:  Goldman, Phyllis S.
;  APPLICANT:  McElligott, David L.
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE2 MATERIALS AND METHODS
;  FILE REFERENCE: 27866/36559
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/199,937
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/606,035
;  PRIOR FILING DATE: 2000-06-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/141,582
;  PRIOR FILING DATE: 1999-06-29
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 135
;   LENGTH: 1166
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-199-937-135

  Query Match             94.5%;  Score 6108;  DB 4;  Length 1166;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1166;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy      75 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 134
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 60

Qy     135 PLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 194
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      61 PLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 120

Qy     195 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 254
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     121 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 180

Qy     255 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 314
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     181 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 240

Qy     315 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 374
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     241 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 300

Qy     375 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 434
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     301 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 360

Qy     435 PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVV 494
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     361 PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVV 420

Qy     495 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 554
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     421 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 480

Qy     555 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 614
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     481 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 540

Qy     615 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 674
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     541 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 600

Qy     675 AKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLAR 734
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     601 AKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLAR 660

Qy     735 VKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAA 794
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     661 VKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAA 720

Qy     795 SYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQT 854
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     721 SYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQT 780

Qy     855 PLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASS 914
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     781 PLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASS 840

Qy     915 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQIT 974
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     841 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQIT 900

Qy     975 LDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP 1034
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     901 LDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP 960

Qy    1035 DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEEN 1094
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     961 DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEEN 1020

Qy    1095 HNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1154
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1021 HNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1080

Qy    1155 CPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYV 1214
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1081 CPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYV 1140

Qy    1215 IYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
           ||||||||||||||||||||||||||
Db    1141 IYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1166


RESULT 9
US-09-849-602-26
; Sequence 26, Application US/09849602
; Publication No. US20030165834A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Scanlan, Matthew J.
;  APPLICANT:  Old, Lloyd J.
;  APPLICANT:  Stockert, Elisabeth
;  APPLICANT:  Chen, Yao-Tseng
;  TITLE OF INVENTION: Colon Cancer Antigen Panel
;  FILE REFERENCE: L0461/7105(JRV)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/849,602
;  CURRENT FILING DATE:  2001-05-04
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 30
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO 26
;   LENGTH: 1227
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-849-602-26

  Query Match             90.9%;  Score 5877;  DB 3;  Length 1227;
  Best Local Similarity   91.6%;  Pred. No. 0;
  Matches 1148;  Conservative    8;  Mismatches   47;  Indels   50;  Gaps    5;

Qy      12 QGAQRGARVGAA------------HGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLL 59
           ||||||||||||             |  |: | :|     |  | :|  :|  :||
Db       1 QGAQRGARVGAAMGLRRSGDSREPSGPGPERVFSGGPRPPARGAGAPAPVAGAVAG---- 56

Qy      60 LRLLALLLAVAAARIMSGRRCAGG-----------GAACASAAAEAVEPAARELFEACRN 108
                               | ||           |:    |||||||||||||||||||
Db      57 --------------------CGGGQDHVGSPLRRRGSGLRDAAAEAVEPAARELFEACRN 96

Qy     109 GDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIP 168
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      97 GDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIP 156
```

```
Qy        169 LHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRN 228
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        157 LHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRN 216

Qy        229 TDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTP 288
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        217 TDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTP 276

Qy        289 LHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMD 348
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        277 LHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMD 336

Qy        349 LWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHS 408
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        337 LWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHS 396

Qy        409 LLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANIN 468
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        397 LLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANIN 456

Qy        469 EKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLS 528
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        457 EKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLS 516

Qy        529 YGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTV 588
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        517 YGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTV 576

Qy        589 QSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEV 648
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        577 QSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEV 636

Qy        649 AELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKD 708
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        637 AELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKD 696

Qy        709 GDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEV 768
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        697 GDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEV 756

Qy        769 AEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQ 828
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        757 AEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQ 816

Qy        829 KGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNG 888
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        817 KGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNG 876

Qy        889 VRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGV 948
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        877 VRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGV 936

Qy        949 DFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLI 1008
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        937 DFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLI 996

Qy       1009 SGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNI 1068
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        997 SGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNI 1056

Qy       1069 LKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGM 1128
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1057 LKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGM 1116

Qy       1129 FGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHK-DRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAM 1187
              ||||||||||||||||||||||||||    | |   :     ||     ||| |
Db       1117 FGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGVQFTKTDLVTFATAAALL--PGNLGKVFPAVQCN 1174

Qy       1188 KMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
              :   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1175 ENGTSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1227
```

```
RESULT 10
US-10-616-101-8
; Sequence 8, Application US/10616101
; Publication No. US20050074825A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  APPLICANT:  Ossovskaya, Valeria
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods c
;  FILE REFERENCE: RIGL-010CIP3
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/616,101
;  CURRENT FILING DATE:  2003-07-08
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/843,159
;  PRIOR FILING DATE: 2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 19
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 8
;   LENGTH: 1100
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-616-101-8

  Query Match             89.2%;  Score 5766;  DB 5;  Length 1100;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1099;  Conservative    1;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        141 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 200
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy        201 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy        261 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy        321 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy        381 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy        441 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy        501 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy        561 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy        621 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy        681 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
```

```
Qy         741 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 800
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy         801 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 860
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy         861 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 920
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy         921 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 980
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy         981 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 1040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy        1041 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1100
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy        1101 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1160
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy        1161 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQ 1220
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQ 1080

Qy        1221 AYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
               ||||||||||||||||||||
Db        1081 AYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1100

RESULT 11
US-10-616-101-11
; Sequence 11, Application US/10616101
; Publication No. US20050074825A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  APPLICANT:  Ossovskaya, Valeria
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods
;  FILE REFERENCE: RIGL-010CIP3
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/616,101
;  CURRENT FILING DATE:  2003-07-08
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/843,159
;  PRIOR FILING DATE: 2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 19
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 11
;   LENGTH: 1100
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Artificial sequence
;   FEATURE:
;   OTHER INFORMATION: synthetic mutant
US-10-616-101-11

  Query Match             89.1%;  Score 5760;  DB 5;  Length 1100;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 1098;  Conservative    1;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy         141 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 200
               ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy         201 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 260
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy         261 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 320
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy         321 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 380
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy         381 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 440
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy         441 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 500
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy         501 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 560
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy         561 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 620
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy         621 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 680
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy         681 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 740
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy         741 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 800
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy         801 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 860
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy         861 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 920
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy         921 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 980
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy         981 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 1040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy        1041 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1100
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy        1101 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1160
               |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Db         961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYLAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy        1161 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQ 1220
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQ 1080

Qy        1221 AYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
               ||||||||||||||||||||
Db        1081 AYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1100
```

```
RESULT 12
US-10-616-101-12
; Sequence 12, Application US/10616101
; Publication No. US20050074825A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  APPLICANT:  Ossovskaya, Valeria
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods
;  FILE REFERENCE: RIGL-010CIP3
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/616,101
;  CURRENT FILING DATE:  2003-07-08
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/843,159
;  PRIOR FILING DATE: 2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 19
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 12
;   LENGTH: 1083
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Artificial sequence
;   FEATURE:
;   OTHER INFORMATION: synthetic mutant
US-10-616-101-12

  Query Match             87.5%;  Score 5656;  DB 5;  Length 1083;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 1079;  Conservative    1;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        141 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 200
              |||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy        201 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy        261 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy        321 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy        381 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy        441 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy        501 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy        561 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy        621 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy        681 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy        741 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy        801 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy        861 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy        921 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy        981 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy       1041 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy       1101 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy       1161 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQ 1220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Db       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAAYVIYRGEQ 1080

Qy       1221 A 1221
              |
Db       1081 A 1081


RESULT 13
US-09-509-196A-2
; Sequence 2, Application US/09509196A
; Patent No. US20020037582A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT:  DALY, Roger J.
;  APPLICANT:  SUTHERLAND, Robert L.
;  TITLE OF INVENTION:  A Potential Effector for the Grb7 Family of Signalling
;  TITLE OF INVENTION:  Proteins
;  FILE REFERENCE:  1871-129
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/509,196A
;  CURRENT FILING DATE:  2000-03-23
;  PRIOR APPLICATION NUMBER:  P09388
;  PRIOR FILING DATE:  1997-09-23
;  PRIOR APPLICATION NUMBER:  PCT AU98/00795
;  PRIOR FILING DATE:  1998-09-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS:  2
;  SOFTWARE:  PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 2
;   LENGTH: 1074
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-509-196A-2

  Query Match             86.7%;  Score 5602;  DB 3;  Length 1074;
  Best Local Similarity   99.4%;  Pred. No. 0;
  Matches 1068;  Conservative    2;  Mismatches    4;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        167 IPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTI 226
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 IPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTI 60

Qy        227 RNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKS 286
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           61 RNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKS 120

Qy          287 TPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNA 346
                |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Db          121 TPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGRDVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGGCVNA 180

Qy          347 MDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKG 406
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db          181 MDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCKNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKG 240

Qy          407 HSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGAN 466
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          241 HSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGAN 300

Qy          467 INEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLL 526
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          301 INEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLL 360

Qy          527 LSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLC 586
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          361 LSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLC 420

Qy          587 TVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHY 646
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          421 TVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHY 480

Qy          647 EVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLV 706
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          481 EVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLV 540

Qy          707 KDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNL 766
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          541 KDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNL 600

Qy          767 EVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEA 826
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| :||||||||||||||
Db          601 EVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNASLNATDKWAFTPLHEA 660

Qy          827 AQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVL 886
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          661 AQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVL 720

Qy          887 NGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVP 946
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          721 NGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVP 780

Qy          947 GVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVER 1006
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          781 GVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVER 840

Qy         1007 LISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRY 1066
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          841 LISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRY 900

Qy         1067 NILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIG 1126
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          901 NILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIG 960

Qy         1127 GMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSA 1186
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          961 GMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSA 1020

Qy         1187 MKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
                |||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||
Db         1021 MKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEEAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1074

RESULT 14
US-10-616-101-3
; Sequence 3, Application US/10616101
; Publication No. US20050074825A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  APPLICANT:  Ossovskaya, Valeria
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods
;  FILE REFERENCE: RIGL-010CIP3
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/616,101
;  CURRENT FILING DATE:  2003-07-08
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/843,159
;  PRIOR FILING DATE: 2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 19
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 1065
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-616-101-3

  Query Match             86.4%;  Score 5582;  DB 5;  Length 1065;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1064;  Conservative    1;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          141 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 200
                ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy          201 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 260
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy          261 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 320
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy          321 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 380
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy          381 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 440
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy          441 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 500
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy          501 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 560
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy          561 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 620
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy          621 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 680
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy          681 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 740
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy          741 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 800
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy          801 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 860
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy        861 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy        921 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy        981 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy       1041 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy       1101 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy       1161 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1205
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065


RESULT 15
US-09-972-115A-4
; Sequence 4, Application US/09972115A
; Publication No. US20030032769A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:  Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 4
;   LENGTH: 1267
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1)..(1)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 1 stands for Thr, Ala, Pro, or Ser.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (42)..(42)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 42 stands for Lys, Arg, Thr, or Met.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (98)..(98)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 98 stands for Lys, Arg, Thr, or Met.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (110)..(110)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 110 stands for Thr, Ala, Pro, or Ser.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (114)..(114)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 114 stands for Asn, Ser, Thr, or Ile.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (126)..(126)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 126 stands for Lys, or Asn.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (139)..(139)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 139 stands for Ile, Val, Leu, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (144)..(144)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 144 stands for Thr.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (153)..(153)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 153 stands for Thr.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (166)..(166)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 166 stands for Ser, Gly, Arg, or Cys.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (173)..(173)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 173 stands for Ile, Val, Leu, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (174)..(174)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 174 stands for Glu, or Lys.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (183)..(183)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 183 stands for Val.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (185)..(185)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 185 stands for Thr, Ala, Pro, or Ser.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (188)..(188)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 188 stands for Asn, Asp, His, or Tyr.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (202)..(202)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 202 stands for His, or Pro.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (204)..(204)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 204 stands for Glu, or Lys.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (205)..(205)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 205 stands for Asn, Ser, Thr, or Ile.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (207)..(207)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 207 stands for Asn, Asp, His, or Tyr.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (211)..(211)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 211 stands for Gln, Arg, Pro, or Leu.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (213)..(213)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 213 stands for Ser, Gly, Arg, or Cys.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (215)..(215)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 215 stands for Lys, Asn, Glu, Asp, Gln, His
;   OTHER INFORMATION: , a stop codon, or Tyr.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (227)..(227)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 227 stands for His, Arg, Pro, or Leu.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (228)..(228)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 228 stands for Asn, Asp, His, or Tyr.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (237)..(237)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 237 stands for Glu, or Asp.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (238)..(238)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 238 stands for Asn, Ser, Thr, Ile, Asp, Gly
;   OTHER INFORMATION: , Ala, Val, His, Arg, Pro, Leu, Tyr, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (667)..(667)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 667 stands for Tyr, Cys, Ser, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (725)..(725)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 725 stands for Lys, or Asn.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (727)..(727)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 727 stands for His, Arg, Pro, or Leu.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (735)..(735)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 735 stands for Glu, or Asp.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (741)..(741)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 741 stands for Met, Val, or Leu.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (763)..(763)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 763 stands for Leu, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (764)..(764)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 764 stands for Tyr, Cys, Ser, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (787)..(787)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 787 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (788)..(788)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 788 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (789)..(789)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 789 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (790)..(790)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 790 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (791)..(791)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 791 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (792)..(792)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 792 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (793)..(793)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 793 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (794)..(794)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 794 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (795)..(795)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 795 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (796)..(796)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 796 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (797)..(797)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 797 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (798)..(798)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 798 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (799)..(799)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 799 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (800)..(800)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 800 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (801)..(801)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 801 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;   OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (802)..(802)

  Query Match             84.3%;  Score 5452;  DB 3;  Length 1267;
  Best Local Similarity   86.2%;  Pred. No. 0;
  Matches 1072;  Conservative    6;  Mismatches  161;  Indels    4;  Gaps    2;

Qy          1 RCSARRGAAGGQGAQRGARVGAAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLL 60
              ||  |||||||||| |    |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         26 RCLRRRGAAGGQGAHRXGARGRGHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLL 85

Qy         61 RLLALLLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTP 120
              |||||||||||| ||||||||||| ||| ||||||||||| |||||||||||| |:|| |
Db         86 RLLALLLAVAAAXIMSGRRCAGGGXACAXAAAEAVEPAARXLFEACRNGDVERXKKLVXP 145

Qy        121 EKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEV 180
              ||||||| |||||||||| | |||||:  ||| |||| | || ||||||||||||| |  
Db        146 EKVNSRDXAGRKSTPLHFPAXFGRKDLXXYLLTNGANXQXRDXGGLIPLHNACSFGXAXX 205

Qy        181 VNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADP 240
              : ||| | | |||||||||||  ||||||||  |||||||||||||||||||||||||||
Db        206 IXLLLXHXAXPNARDNWNYTPXXEAAIKGKIXXCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADP 265

Qy        241 SAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKI 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        266 SAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKI 325

Qy        301 VQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAAS 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        326 VQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAAS 385

Qy        361 KNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTR 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        386 KNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTR 445

Qy        421 IKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHV 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        446 IKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHV 505

Qy        481 ASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        506 ASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQG 565

Qy        541 FTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQ 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        566 FTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQ 625

Qy        601 STPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVN 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Db        626 STPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACXYGHYEVAELLVKHGAVVN 685

Qy        661 VADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGD 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||| : |   ||||||| ||||| ||||
Db        686 VADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKKKKGXIXLDLVKDGXTDIQDXLRGD 745

Qy        721 AALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVN 780
              | |||||||||||||||   ||||||||||||||||||| ||
Db        746 AVLLDAAKKGCLARVKKXXFPDNVNCRDTQGRHSTPLHL-AGXXXXXXXXXXXXXXXXXX 804

Qy        781 AQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLA 840

Db        805 XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX 864

Qy        841 HGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALS 900
                                          ||||||| |||| |||||||||||||||||||
Db        865 XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXTAAMPPSVLPSCNKPQVLNGVRSPGATADALS 924

Qy        901 SGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        925 SGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLG 984

Qy        961 LEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTL 1020
              |||||||| |||||||||||||||||||| ||||||||||||  ||||||||||||||||
Db        985 LEHLMDIFXREQITLDVLVEMGHKELKEIXINAYGHRHKLIKSFERLISGQQGLNPYLTL 1044

Qy       1021 NTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNK--- 1077
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:
Db       1045 NTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNRAKI 1104

Qy       1078 KLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAE 1137
              :  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1105 RHEERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAE 1164

Qy       1138 NSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHH 1197
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1165 NSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHH 1224

Qy       1198 SVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1225 SVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1267

Search completed: December 18, 2006, 17:59:55
Job time : 158.857 secs
```

```
                  GenCore version 5.1.9
         Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.

OM protein - protein search, using sw model

Run on:         December 18, 2006, 17:27:10 ; Search time 38.1952 Seconds
                                          (without alignments)
                                          3123.657 Million cell updates/sec

Title:          US-10-616-101-4
Perfect score:  6464
Sequence:       1 RCSARRGAAGGQGAQRGARV..........AYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240

Scoring table:  BLOSUM62
                Gapop 10.0 , Gapext 0.5

Searched:       283416 seqs, 96216763 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      283416

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       PIR_80:*
                1:  pir1:*
                2:  pir2:*
                3:  pir3:*
                4:  pir4:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                                  SUMMARIES
                 %
Result           Query
  No.    Score   Match Length DB  ID                    Description
-----------------------------------------------------------------------------
     1     895    13.8   1765  2  T42714                ankyrin 3, splice
     2     895    13.8   1961  2  T42716                ankyrin 3, splice
     3   892.5    13.8   4377  2  A55575                ankyrin 3, long sp
     4     891    13.8   1943  2  T42713                ankyrin 3, splice
     5     889    13.8   1940  2  T42715                ankyrin 3, splice
     6   880.5    13.6   1856  2  B35049                ankyrin 1, erythro
     7   880.5    13.6   1880  2  A35049                ankyrin 1, erythro
     8   878.5    13.6   1881  1  SJHUK                 ankyrin 1, erythro
     9     877    13.6   3924  2  S37431                ankyrin 2, neurona
    10     876    13.6   1848  2  S37771                ankyrin, erythrocy
    11     874    13.5   1862  2  I49502                ankyrin - mouse
    12   866.5    13.4   1549  2  T13940                ankyrin - fruit fl
    13     858    13.3   2039  2  T15347                ankyrin-related un
    14     657    10.2    791  2  T42691                hypothetical prote
    15   563.5     8.7    934  1  H71274                probable ankyrin -
    16     552     8.5   1411  2  S30355                alpha-latroinsecto
    17   507.5     7.9   1058  2  D82654                ankyrin-like prote
    18   494.5     7.7   1062  2  T30255                inversin - mouse
    19   489.5     7.6   1062  2  T14151                Inv protein - mous
    20     485     7.5   1401  2  S11527                alpha-latrotoxin p
    21     463     7.2   1188  2  T19552                hypothetical prote
    22   452.5     7.0    426  2  AE2149                hypothetical prote
    23     426     6.6    991  2  T25412                hypothetical prote
    24   416.5     6.4   1184  2  T00253                gene Ankhzn protei
    25     399     6.2   2584  2  T24158                hypothetical prote
    26     399     6.2   2606  2  T24157                hypothetical prote
    27   389.5     6.0    397  2  T46445                hypothetical prote
    28     370     5.7   1031  2  T43458                hypothetical prote
    29     350     5.4    557  2  T46507                hypothetical prote
    30   348.5     5.4    606  2  AC2508                hypothetical prote
    31     345     5.3   1423  1  I37275                death-associated p
    32     343     5.3   1107  2  T21280                hypothetical prote
    33   329.5     5.1   1435  2  T32930                hypothetical prote
    34     321     5.0   1398  2  T21884                hypothetical prote
    35   315.5     4.9    656  2  A34793                sex-determining pr
    36     307     4.7   1004  2  A55142                myosin-light-chain
    37     306     4.7   1016  2  T19006                ankyrin related pr
    38     306     4.7   1322  2  A59288                myosin heavy chain
    39     305     4.7    679  2  B45771                2-5A-dependent RNA
    40   299.5     4.6    633  2  T27499                hypothetical prote
    41     299     4.6    247  2  D84448                probable ankyrin [
    42     297     4.6   1001  2  S30385                G9a protein - huma
    43     297     4.6   1295  2  T21720                hypothetical prote
    44   294.5     4.6    900  2  A42024                transcription fact
    45   285.5     4.4    658  2  S68418                protein phosphatas

                              ALIGNMENTS


RESULT 1
T42714
ankyrin 3, splice form 2 - mouse
C;Species: Mus musculus (house mouse)
C;Date: 11-Jan-2000 #sequence_revision 11-Jan-2000 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: T42714
R;Peters, L.L.; John, K.M.; Lu, F.M.; Eicher, E.M.; Higgins, A.; Yialamas, M.; Turtzo, L.
J. Cell Biol. 130, 313-330, 1995
A;Title: Ank3 (epithelial ankyrin), a widely distributed new member of the ankyrin gene
the repeat domain.
A;Reference number: Z22237; MUID:95340633; PMID:7615634
A;Accession: T42714
A;Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DDBJ
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-1765 <PET>
A;Cross-references: UNIPROT:Q61307; UNIPARC:UPI0000029AB8; EMBL:L40632; NID:g710548; PID:
A;Experimental source: strain C57BL/6J; kidney
C;Genetics:
A;Gene: Ank3
A;Map position: 10
A;Introns: 1587/1
C;Superfamily: ankyrin; ankyrin repeat homology
C;Keywords: alternative splicing

  Query Match             13.8%;  Score 895;  DB 2;  Length 1765;
  Best Local Similarity   30.3%;  Pred. No. 2.8e-46;
  Matches  294;  Conservative  134;  Mismatches  409;  Indels  134;  Gaps   25;

Qy         68 AVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRD 127
              |  | |   |::     :   :| |  :| |     :  :||             ||  :
Db         10 AKPAHRKRKGKKSDANASYLRAARAGHLEKA----LDYIKNG-----------VDVNICN 54

Qy        128 TAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRH 187
                |  :  || |:  |  :||  |||  ||| |    |   || |   | |||| :|: :
Db         55 QNGLNA--LHLASKEGHVEVVSELLQREANVDAATKKGNTALHIASLAGQAEVVKVLVTN 112

Qy        188 GADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLA-----DPSA 242
              ||: ||:    :||||: || :  ::|   || :||  ::   || | | :|     |
Db        113 GANVNAQSQNGFTPLYMAAQENHLEVVRFLLDNGASQSLATEDGFTPLAVALQQGHDQVV 172

Qy        243 KAVLTGEYK---KDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVK 299
                :|  : |   :   |  |   :: |  |||   : |         ||||:|| |  :
Db        173 SLLLENDTKGKVRLPALHIAARKDDTKAAALLLQNDTNADVESKSGFTPLHIAAHYGNIN 232

Qy        300 IVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAA 359
              :  |||   | |    : |: ||| |   |:  : :||:  || ::|      ||||  |
Db        233 VATLLLNRAAAVDFTARNDITPLHVASKRGNANMVKLLLDRGAKIDAKTRDGLTPLHCGA 292

Qy        360 SKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVT 419
                   :|  :||   | | |    |                     | | |  | : |
Db        293 RSGHEQVVEMLLDRSA-PILSKTKN---------------------GLSPLHMATQGD-- 328
```

```
Qy          420 RIKKHLSLEMVNFKH-------PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTK 472
                    ||:   :  :|          : |||| ||   : |   : ::|| || : | |
Db          329 ----HLNCVQLLLQHNVPVDDVTNDYLTALHVAAHCGHYK---VAKVLLDKKASPNAKAL 381

Qy          473 EFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCD 532
                   ||||:| :|    |:|:::|| | : |:   | | :| ||: ||:     |: :|
Db          382 NGFTPLHIACKKNRIRVMELLLKHGASIQAVTESGLTPIHVAAFMGHVNIVSQLMHHGAS 441

Qy          533 PNIISLQGFTALQMG-----NENVQQLLQEGISLGNSEADRQ--LLEAAKAGDVETVKKL 585
                ||  :::| ||| |       | |: |:|:|  :     | |  |  :|: |  : |::|
Db          442 PNTTNVRGETALHMAARSGQAEVVRYLVQDGAQVEAKAKDDQTPLHISARLGKADIVQQL 501

Qy          586 CTV-QSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYG 644
                     | |     |   |||| ||      |  :|| ||| :     | | ||| |  ||
Db          502 LQQGASPNAATTSG--YTPLHLAAREGHEDVAAFLLDHGASLSITTKKGFTPLHVAAKYG 559

Qy          645 HYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLD 704
                  ||| ||::  |  : |     |||| ||     ::  |||  || |    ::| |||
Db          560 KLEVASLLLQKSASPDAAGKSGLTPLHVAAHYDNQKVALLLLDQGASPHAAAKNGYTPLH 619

Qy          705 L-VKDGDTDIQDLL------------RGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPD-NVNCRDTQ 750
                :  |    ||   |            :| |::  ||::| :  |  | | : |||  :
Db          620 IAAKKNQMDIATSLLEYGADANAVTRQGIASVHLAAQEGHVDMVSLLLSRNANVNLSNKS 679

Qy          751 GRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNA 810
                |   |||||||  : : ||| |:  || |:|| | |  |||    ||:: :   |::::|
Db          680 G--LTPLHLAAQEDRVNVAEVLVNQGAHVDAQTKMGYTPLHVGCHYGNIKIVNFLLQHSA 737

Qy          811 CVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS-------ADD 863
                 |||  |  :| ||:|||:| | :  :|| : | |      | | | :          |
Db          738 KVNAKTKNGYTALHQAAQQGHTHIINVLLQNNASPNELTVNGNTALAIARRLGYISVVDT 797

Qy          864 VSALLTAAMPPSALPSCYK---PQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLS- 919
                :  :    |  : :   :|   |: :| |               |   :  ||: : ||
Db          798 LKVVTEEIMTTTTITEKHKMNVPETMNEVLD------------MSDDEVRKASAPEKLSD 845

Qy          920 GSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLV 979
                | :        | | ||      | :| |   : :                : || |
Db          846 GEY-------ISDGEEGDKCTWFK-IPKVQEVLVK-------------SEDAITGDTDK 883

Qy          980 EMGHKELKEIG 990
                 :| ::|||:|
Db          884 YLGPQDLKELG 894


RESULT 2
T42716
ankyrin 3, splice form 4 - mouse
C;Species: Mus musculus (house mouse)
C;Date: 11-Jan-2000 #sequence_revision 11-Jan-2000 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: T42716
R;Peters, L.L.; John, K.M.; Lu, F.M.; Eicher, E.M.; Higgins, A.; Yialamas, M.; Turtzo, L
J. Cell Biol. 130, 313-330, 1995
A;Title: Ank3 (epithelial ankyrin), a widely distributed new member of the ankyrin gene
the repeat domain.
A;Reference number: Z22237; MUID:95340633; PMID:7615634
A;Accession: T42716
A;Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DDBJ
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-1961 <PET>
A;Cross-references: UNIPROT:Q61307; UNIPARC:UPI0000027D39; EMBL:L40632; NID:g710548; PID
A;Experimental source: strain C57BL/6J; kidney
C;Genetics:
A;Gene: Ank3
A;Map position: 10
C;Superfamily: ankyrin; ankyrin repeat homology
C;Keywords: alternative splicing

  Query Match             13.8%;  Score 895;  DB 2;  Length 1961;
  Best Local Similarity   30.3%;  Pred. No. 3.3e-46;
  Matches  294;  Conservative  134;  Mismatches  409;  Indels  134;  Gaps   25;

Qy           68 AVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRD 127
```

```
                |  | |   |::     :   :| |  :| |     :  :||             ||  :
Db           10 AKPAHRKRKGKKSDANASYLRAARAGHLEKA----LDYIKNG-----------VDVNICN 54

Qy          128 TAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRH 187
                  |  :  || |:  |  :||  |||  ||| |    |   || |   | |||| :|: :
Db           55 QNGLNA--LHLASKEGHVEVVSELLQREANVDAATKKGNTALHIASLAGQAEVVKVLVTN 112

Qy          188 GADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLA-----DPSA 242
                ||: ||:    :|||: || :  ::|   || :||  ::   || | | :|     |
Db          113 GANVNAQSQNGFTPLYMAAQENHLEVVRFLLDNGASQSLATEDGFTPLAVALQQGHDQVV 172

Qy          243 KAVLTGEYK---KDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVK 299
                  :|  : |   :   |  |   :: |  |||   : |         ||||:|| |  :
Db          173 SLLLENDTKGKVRLPALHIAARKDDTKAAALLLQNDTNADVESKSGFTPLHIAAHYGNIN 232

Qy          300 IVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAA 359
                :  |||   | |    : |: ||| |   |:  : :||:  || ::|      ||||  |
Db          233 VATLLLNRAAAVDFTARNDITPLHVASKRGNANMVKLLLDRGAKIDAKTRDGLTPLHCGA 292

Qy          360 SKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVT 419
                     :|  :||   | | |    |                     | | |  | : |
Db          293 RSGHEQVVEMLLDRSA-PILSKTKN---------------------GLSPLHMATQGD-- 328

Qy          420 RIKKHLSLEMVNFKH-------PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTK 472
                    ||:   :  :|          : |||| ||   : |   : ::|| || : | |
Db          329 ----HLNCVQLLLQHNVPVDDVTNDYLTALHVAAHCGHYK---VAKVLLDKKASPNAKAL 381

Qy          473 EFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCD 532
                   ||||:| :|    |:|:::|| | : |:   | | :| ||: ||:     |: :|
Db          382 NGFTPLHIACKKNRIRVMELLLKHGASIQAVTESGLTPIHVAAFMGHVNIVSQLMHHGAS 441

Qy          533 PNIISLQGFTALQMG-----NENVQQLLQEGISLGNSEADRQ--LLEAAKAGDVETVKKL 585
                ||  :::| ||| |       | |: |:|:|  :     | |  |  :|: |  : |::|
Db          442 PNTTNVRGETALHMAARSGQAEVVRYLVQDGAQVEAKAKDDQTPLHISARLGKADIVQQL 501

Qy          586 CTV-QSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYG 644
                     | |     |   |||| ||      |  :|| ||| :     | | ||| |  ||
Db          502 LQQGASPNAATTSG--YTPLHLAAREGHEDVAAFLLDHGASLSITTKKGFTPLHVAAKYG 559

Qy          645 HYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLD 704
                  ||| ||::  |  : |     |||| ||     ::  |||  || |    ::| |||
Db          560 KLEVASLLLQKSASPDAAGKSGLTPLHVAAHYDNQKVALLLLDQGASPHAAAKNGYTPLH 619

Qy          705 L-VKDGDTDIQDLL------------RGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPD-NVNCRDTQ 750
                :  |    ||   |            :| |::  ||::| :  |  | | : |||  :
Db          620 IAAKKNQMDIATSLLEYGADANAVTRQGIASVHLAAQEGHVDMVSLLLSRNANVNLSNKS 679

Qy          751 GRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNA 810
                |   |||||||  : : ||| |:  || |:|| | |  |||    ||:: :   |::::|
Db          680 G--LTPLHLAAQEDRVNVAEVLVNQGAHVDAQTKMGYTPLHVGCHYGNIKIVNFLLQHSA 737

Qy          811 CVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS-------ADD 863
                 |||  |  :| ||:|||:| | :  :|| : | |      | | | :          |
Db          738 KVNAKTKNGYTALHQAAQQGHTHIINVLLQNNASPNELTVNGNTALAIARRLGYISVVDT 797

Qy          864 VSALLTAAMPPSALPSCYK---PQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLS- 919
                :  :    |  : :   :|   |: :| |               |   :  ||: : ||
Db          798 LKVVTEEIMTTTTITEKHKMNVPETMNEVLD------------MSDDEVRKASAPEKLSD 845

Qy          920 GSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLV 979
                | :        | | ||      | :| |   : :                : || |
Db          846 GEY-------ISDGEEGDKCTWFK-IPKVQEVLVK-------------SEDAITGDTDK 883

Qy          980 EMGHKELKEIG 990
                 :| ::|||:|
Db          884 YLGPQDLKELG 894


RESULT 3
A55575
ankyrin 3, long splice form - human
N;Alternate names: ankyrin G
C;Species: Homo sapiens (man)
```

```
C;Date: 03-Mar-1995 #sequence_revision 03-Mar-1995 #text_change 31-Dec-2004
C;Accession: A55575
R;Kordeli, E.; Lambert, S.; Bennett, V.
J. Biol. Chem. 270, 2352-2359, 1995
A;Title: Ankyrin-G. A new ankyrin gene with neural-specific isoforms localized at the ax
A;Reference number: A55575; MUID:95138209; PMID:7836469
A;Accession: A55575
A;Status: preliminary
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-4377 <KOR>
A;Cross-references: UNIPROT:Q12955; UNIPARC:UPI000013C497; GB:U13616; NID:g608024; PIDN:
C;Genetics:
A;Gene: GDB:ANK3
A;Cross-references: GDB:424503; OMIM:600465
A;Map position: 10q21-10q21
C;Superfamily: EGF homology
C;Keywords: alternative splicing; peripheral membrane protein
F;73-105/Domain: ankyrin repeat homology <AN01>
F;106-138/Domain: ankyrin repeat homology <AN02>
F;139-171/Domain: ankyrin repeat homology <AN03>
F;172-200/Domain: ankyrin repeat homology <AN04>
F;201-233/Domain: ankyrin repeat homology <AN05>
F;234-266/Domain: ankyrin repeat homology <AN06>
F;267-299/Domain: ankyrin repeat homology <AN07>
F;300-332/Domain: ankyrin repeat homology <AN08>
F;333-365/Domain: ankyrin repeat homology <AN09>
F;366-398/Domain: ankyrin repeat homology <AN10>
F;399-431/Domain: ankyrin repeat homology <AN11>
F;432-464/Domain: ankyrin repeat homology <AN12>
F;465-497/Domain: ankyrin repeat homology <AN13>
F;498-530/Domain: ankyrin repeat homology <AN14>
F;531-563/Domain: ankyrin repeat homology <AN15>
F;564-596/Domain: ankyrin repeat homology <AN16>
F;597-629/Domain: ankyrin repeat homology <AN17>
F;630-662/Domain: ankyrin repeat homology <AN18>
F;663-695/Domain: ankyrin repeat homology <AN19>
F;696-728/Domain: ankyrin repeat homology <AN20>
F;729-761/Domain: ankyrin repeat homology <AN21>
F;762-794/Domain: ankyrin repeat homology <AN22>
F;795-827/Domain: ankyrin repeat homology <AN23>

  Query Match             13.8%;  Score 892.5;  DB 2;  Length 4377;
  Best Local Similarity   30.7%;  Pred. No. 1.6e-45;
  Matches  277;  Conservative  126;  Mismatches  365;  Indels  135;  Gaps   21;

Qy        136 LHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARD 195
              || |:  |  :||  | |  ||| |    |   || |   | |||| :|: :||: ||:
Db         78 LHLASKEGHVEVVSELLQREANVDAATKKGNTALHIASLAGQAEVVKVLVTNGANVNAQS 137

Qy        196 NWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLA-----DPSAKAVLTGEY 250
                 :|||: || :  ::|   || :||  ::   || | | :|     |     :|  :
Db        138 QNGFTPLYMAAQENHLEVVKFLLDNGASQSLATEDGFTPLAVALQQGHDQVVSLLLENDT 197

Qy        251 K---KDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQH 307
              |   :   |  | . ::  |  |||   : |      .  ||||:|| |  : :  |||
Db        198 KGKVRLPALHIAARKDDTKAAALLLQNDNNADVESKSGFTPLHIAAHYGNINVATLLLNR 257

Qy        308 GADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVC 367
               | |    : |: ||| |   |:  : :||:  || ::|      ||||  |     :|
Db        258 AAAVDFTARNDITPLHVASKRGNANMVKLLLDRGAKIDAKTRDGLTPLHCGARSGHEQVV 317

Qy        368 SLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSL 427
               :||   | | |    |                     | | |  | : |      ||:
Db        318 EMLLDRAA-PILSKTKN---------------------GLSPLHMATQGD------HLNC 349

Qy        428 EMVNFKH-------PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHV 480
                :  :|          : |||| ||   : |   : ::|| | || | |     ||||:
Db        350 VQLLLQHNVPVDDVTNDYLTALHVAAHCGHYK---VAKVLLDKKANPNAKALNGFTPLHI 406

Qy        481 ASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQG 540
              | :|    |:|:::|| | : |:   | | :| ||: ||:     |:  :|  ||  :::|
Db        407 ACKKNRIKVMELLLKHGASIQAVTESGLTPIHVAAFMGHVNIVSQLMHHGASPNTTNVRG 466
```

```
Qy        541 FTALQMG-----NENVQQLLQEGISLGNSEADRQ--LLEAAKAGDVETVKKLCTV-QSVN 592
               ||| |       | |: |:|:|  :     | |  |  :|: |  : |::|     | |
Db        467 ETALHMAARSGQAEVVRYLVQDGAQVEAKAKDDQTPLHISARLGKADIVQQLLQQGASPN 526

Qy        593 CRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELL 652
                   |   |||| :|      |  :|| ||| :    | |  ||| |  ||  ||| ||
Db        527 AATTSG--YTPLHLSAREGHEDVAAFLLDHGASLSITTKKGFTPLHVAAKYGKLEVANLL 584

Qy        653 VKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDL-VKDGDT 711
              ::  |  : |     |||| ||     ::  |||  || |    ::| ||| :  |
Db        585 LQKSASPDAAGKSGLTPLHVAAHYDNQKVALLLLDQGASPHAAAKNGYTPLHIAAKKNQM 644

Qy        712 DIQDLL------------RGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPD-NVNCRDTQGRHSTPLH 758
              ||   |            :|.|::  ||::| :  |  |   : |||  :  |   ||||
Db        645 DIATTLLEYGADANAVTRQGIASVHLAAQEGHVDMVSLLLGRNANVNLSNKSG--LTPLH 702

Qy        759 LAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKW 818
              |||  : : ||| |:  || |:|| | |  |||    ||:: :   |::::| |||  |
Db        703 LAAQEDRVNVAEVLVNQGAHVDAQTKMGYTPLHVGCHYGNIKIVNFLLQHSAKVNAKTKN 762

Qy        819 AFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL------VSADDVSALLT-AA 871
               :||||:|||:| | :  :|| : | |      | | | :      :|  |   ::|
Db        763 GYTPLHQAAQQGHTHIINVLLQNNASPNELTVNGNTALGIARRLGYISVVDTLKIVTEET 822

Qy        872 MPPSALPSCYK---PQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSV 928
              |  : :   :|   |: :| |               |   :  |:: : ||
Db        823 MTTTTVTEKHKMNVPETMNEVLD-----------MSDDEVRKANAPEMLSDG------- 863

Qy        929 VSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQ-ITLDVLVEMGHKELK 987
                                               |:: |: | |  :| |    :| ::||
Db        864 --------------------------------EYISDVEEGEDAMTGDTDKYLGPQDLK 890

Qy        988 EIG 990
              |:|
Db        891 ELG 893

RESULT 4
T42713
ankyrin 3, splice form 1 - mouse
C;Species: Mus musculus (house mouse)
C;Date: 11-Jan-2000 #sequence_revision 11-Jan-2000 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: T42713
R;Peters, L.L.; John, K.M.; Lu, F.M.; Eicher, E.M.; Higgins, A.; Yialamas, M.; Turtzo, L.
J. Cell Biol. 130, 313-330, 1995
A;Title: Ank3 (epithelial ankyrin), a widely distributed new member of the ankyrin gene f
the repeat domain.
A;Reference number: Z22237; MUID:95340633; PMID:7615634
A;Accession: T42713
A;Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DDBJ
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-1943 <PET>
A;Cross-references: UNIPROT:Q61307; UNIPARC:UPI0000028367; EMBL:L40632; NID:g710548; PID:
A;Experimental source: strain C57BL/6J; kidney
C;Genetics:
A;Gene: Ank3
A;Map position: 10
A;Introns: 855/1
C;Function:
A;Description: supposed to play an important role in the polarized distribution of many
A;Note: major kidney ankyrin
C;Superfamily: ankyrin; ankyrin repeat homology
C;Keywords: alternative splicing

  Query Match             13.8%;  Score 891;  DB 2;  Length 1943;
  Best Local Similarity   30.6%;  Pred. No. 5.7e-46;
  Matches  287;  Conservative  127;  Mismatches  380;  Indels  144;  Gaps   24;

Qy        105 ACRNGDVER----VKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQA 160
              | | | :|:    :|  |    ||  :  |  :  || |:  |  :||  |||  ||| |
Db         31 AARAGHLEKALDYIKNGV---DVNICNQNGLNA--LHLASKEGHVEVVSELLQREANVDA 85

Qy        161 RDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQH 220
```

```
                   |   || |   | |||| :|: :||: ||:    :|||: || :  ::|   || :
Db          86 ATKKGNTALHIASLAGQAEVVKVLVTNGANVNAQSQNGFTPLYMAAQENHLEVVRFLLDN 145

Qy         221 GAEPTIRNTDGRTALDLA-----DPSAKAVLTGEYK---KDELLESARSGNEEKMMALLT 272
               ||  ::   || | | :|     |     :|  : |   :   |  |   :: |  |||
Db         146 GASQSLATEDGFTPLAVALQQGHDQVVSLLLENDTKGKVRLPALHIAARKDDTKAAALLL 205

Qy         273 PLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYE 332
                 : |         ||||:||.|  : :  |||   | |    : |: ||| |   |: .
Db         206 QNDTNADVESKSGFTPLHIAAHYGNINVATLLLNRAAAVDFTARNDITPLHVASKRGNAN 265

Qy         333 VTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAP 392
               : :||:  || ::|      ||||  |     :|  :||   | | |    |
Db         266 MVKLLLDRGAKIDAKTRDGLTPLHCGARSGHEQVVEMLLDRSA-PILSKTKN-------- 316

Qy         393 TPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH-------PQTHETALHCA 445
                            | | |  | : |      ||:   :  :|          : |||| |
Db         317 -------------GLSPLHMATQGD------HLNCVQLLLQHNVPVDDVTNDYLTALHVA 357

Qy         446 AASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDN 505
               |   : |   : ::|| | |: | |     ||||:| :|    |:|:::|| | : |:
Db         358 AHCGHYK---VAKVLLDKKASPNAKALNGFTPLHIACKKNRIRVMELLLKHGASIQAVTE 414

Qy         506 LGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMG-----NENVQQLLQEGIS 560
                | | :| ||: ||:     |: :|  ||  :::| ||| |       | |: |:|:|
Db         415 SGLTPIHVAAFMGHVNIVSQLMHHGASPNTTNVRGETALHMAARSGQAEVVRYLVQDGAQ 474

Qy         561 LGNSEADRQ--LLEAAKAGDVETVKKLCTV-QSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVE 617
               :     | |  |  :|: |  : |::|     | |     |   |||| ||      |
Db         475 VEAKAKDDQTPLHISARLGKADIVQQLLQQGASPNAATTSG--YTPLHLAAREGHEDVAA 532

Qy         618 YLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKG 677
               :|| ||| :    | |  ||| |  ||  ||| ||::  |  : |     |||| ||
Db         533 FLLDHGASLSITTKKGFTPLHVAAKYGKLEVASLLLQKSASPDAAGKSGLTPLHVAAHYD 592

Qy         678 KYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDL-VKDGDTDIQDLL------------RGDAALL 724
                 ::  |||  || |    ::| ||| :  |    ||   |            :| |::
Db         593 NQKVALLLLDQGASPHAAAKNGYTPLHIAAKKNQMDIATSLLEYGADANAVTRQGIASVH 652

Qy         725 DAAKKGCLARVKKLSSPD-NVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQD 783
                ||::| :  |  | | : |||  :  |   |||||||  : : ||| |:  || |:||
Db         653 LAAQEGHVDMVSLLLSRNANVNLSNKSG--LTPLHLAAQEDRVNVAEVLVNQGAHVDAQT 710

Qy         784 KGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGA 843
               | |  |||    ||:: :   |::::| |||  |  :| ||:|||:| | :  :|| : |
Db         711 KMGYTPLHVGCHYGNIKIVNFLLQHSAKVNAKTKNGYTALHQAAQQGHTHIINVLLQNNA 770

Qy         844 DPTLKNQEGQTPLDLVS-------ADDVSALLTAAMPPSALPSCYK---PQVLNGVRSPG 893
                |      | | | :          | :  :    |  : :   :|   |: :| |
Db         771 SPNELTVNGNTALAIARRLGYISVVDTLKVVTEEIMTTTTITEKHKMNVPETMNEVLD-- 828

Qy         894 ATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLS-GSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSI 952
                          |   :  ||: : || | :        | | ||
Db         829 ----------MSDDEVRKASAPEKLSDGEY-------ISDGEEG---------------- 855

Qy         953 TQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIG 990
                                 : || |    :| ::|||:|
Db         856 -----------------EDAITGDTDKYLGPQDLKELG 876

RESULT 5
T42715
ankyrin 3, splice form 3 - mouse
C;Species: Mus musculus (house mouse)
C;Date: 11-Jan-2000 #sequence_revision 11-Jan-2000 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: T42715
R;Peters, L.L.; John, K.M.; Lu, F.M.; Eicher, E.M.; Higgins, A.; Yialamas, M.; Turtzo, L
J. Cell Biol. 130, 313-330, 1995
A;Title: Ank3 (epithelial ankyrin), a widely distributed new member of the ankyrin gene
the repeat domain.
A;Reference number: Z22237; MUID:95340633; PMID:7615634
A;Accession: T42715
A;Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DDBJ
```

```
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-1940 <PET>
A;Cross-references: UNIPROT:Q61307; UNIPARC:UPI0000029ABD; EMBL:L40632; NID:g710548; PID:
A;Experimental source: strain C57BL/6J; kidney
C;Genetics:
A;Gene: Ank3
A;Map position: 10
A;Introns: 834/1
C;Superfamily: ankyrin; ankyrin repeat homology
C;Keywords: alternative splicing

  Query Match             13.8%;  Score 889;  DB 2;  Length 1940;
  Best Local Similarity   27.9%;  Pred. No. 7.5e-46;
  Matches  337;  Conservative  168;  Mismatches  496;  Indels  206;  Gaps   38;

Qy          68 AVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRD 127
               |  | |   |::     :   :| |  :| |     :  :||             ||  :
Db          10 AKPAHRKRKGKKSDANASYLRAARAGHLEKA----LDYIKNG-----------VDVNICN 54

Qy         128 TAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRH 187
                 |  :  || |:  |  :||  |||  ||| |    |   || |   | |||| :|: :
Db          55 QNGLNA--LHLASKEGHVEVVSELLQREANVDAATKKGNTALHIASLAGQAEVVKVLVTN 112

Qy         188 GADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLA-----DPSA 242
               ||: ||:    :|||: || :  ::|   || :||  ::   || | | :|     |
Db         113 GANVNAQSQNGFTPLYMAAQENHLEVVRFLLDNGASQSLATEDGFTPLAVALQQGHDQVV 172

Qy         243 KAVLTGEYK---KDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVK 299
                 :|  : |   :   |  |   :: |  |||   : |         ||||:|| |  :
Db         173 SLLLENDTKGKVRLPALHIAARKDDTKAAALLLQNDTNADVESKSGFTPLHIAAHYGNIN 232

Qy         300 IVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAA 359
               :  |||   | |    : |: ||| |   |:  : :||:  || ::|      ||||  |
Db         233 VATLLLNRAAAVDFTARNDITPLHVASKRGNANMVKLLLDRGAKIDAKTRDGLTPLHCGA 292

Qy         360 SKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVT 419
                    :|  :||   | | |    |                     | | |  | : |
Db         293 RSGHEQVVEMLLDRSA-PILSKTKN---------------------GLSPLHMATQGD-- 328

Qy         420 RIKKHLSLEMVNFKH-------PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTK 472
                   ||:   :  :|          : |||| ||   : |   : ::|| | |: | |
Db         329 ----HLNCVQLLLQHNVPVDDVTNDYLTALHVAAHCGHYK---VAKVLLDKKASPNAKAL 381

Qy         473 EFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCD 532
                  ||||:| :|    |:|:::|| | : |:   | | :| ||: ||:     |: :|
Db         382 NGFTPLHIACKKNRIRVMELLLKHGASIQAVTESGLTPIHVAAFMGHVNIVSQLMHHGAS 441

Qy         533 PNIISLQGFTALQMG-----NENVQQLLQEGISLGNSEADRQ--LLEAAKAGDVETVKKL 585
               ||  :::| ||| |       | |: |:|:|  :     | |  |  :|: |  : |::|
Db         442 PNTTNVRGETALHMAARSGQAEVVRYLVQDGAQVEAKAKDDQTPLHISARLGKADIVQQL 501

Qy         586 CTV-QSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYG 644
                    | |     |   |||| ||      |  :|| ||| :    | |  ||| |  ||
Db         502 LQQGASPNAATTSG--YTPLHLAAREGHEDVAAFLLDHGASLSITTKKGFTPLHVAAKYG 559

Qy         645 HYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLD 704
                 ||| ||::  |  : |     |||| ||     ::  |||  || |    ::| |||
Db         560 KLEVASLLLQKSASPDAAGKSGLTPLHVAAHYDNQKVALLLLDQGASPHAAAKNGYTPLH 619

Qy         705 L-VKDGDTDIQDLL------------RGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPD-NVNCRDTQ 750
               :  |    ||   |            :| |::  ||::| :  |  | | : |||  :
Db         620 IAAKKNQMDIATSLLEYGADANAVTRQGIASVHLAAQEGHVDMVSLLLSRNANVNLSNKS 679

Qy         751 GRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNA 810
               |   |||||||  : : ||| |:  || |:|| | |  |||    ||:: :   |::::|
Db         680 G--LTPLHLAAQEDRVNVAEVLVNQGAHVDAQTKMGYTPLHVGCHYGNIKIVNFLLQHSA 737

Qy         811 CVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS-------ADD 863
                |||  |  :| ||:|||:| | :  :|| : | |      | | | :          |
Db         738 KVNAKTKNGYTALHQAAQQGHTHIINVLLQNNASPNELTVNGNTALAIARRLGYISVVDT 797

Qy         864 VSALLTAAMPPSALPSCYK---PQVLNGVRSPG--------------------ATADALS 900
               :  :    |  : :   :|   |: :| |                         : ||::
```

```
Db          798 LKVVTEEIMTTTTITEKHKMNVPETMNEVLDMSDDEGDKCTWFKIPKVQEVLVKSEDAIT 857

Qy          901 S------GP---------SSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVS-----SSGTEGASSL 940
                       ||         | |:      ||   | |    ||  |     ||    :  :
Db          858 GDTDKYLGPQDLKELGDDSLPAEGYVGFSLGARSASLRSFSSDRSYTLNRSSYARDSMMI 917

Qy          941 EKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVL------VEMGHKELKEIGINAY 994
                |:  ||  :  :| | |    : |   :     ||| :      |  |   |    ::|
Db          918 EELLVPSKEQHLT-FTREFDSDSLRH-YSWAADTLDNVNLVSSPVHSGF--LVSFMVDAR 973

Qy          995 G--------HRHKLI----------KGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDD 1036
                |        |  ::|          :   ||:   :  ||   :   |  : |::: |
Db          974 GGSMRGSRHHGMRIIIPPRKCTAPTRITCRLVKRHKLANPPPMVEGEGLASRLVEMGPAG 1033

Qy         1037 KEFQS-VEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWE--RYTHRRKEVSE- 1092
                 :|   |  |:           | | :  :   | : :  | : |:  ::  : ::::|
Db         1034 AQFLGPVIVEIP----------HFGSMRGKERELIVLRSENGETWKEHQFDSKNEDLAEL 1083

Qy         1093 ----ENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENS---SKSNQY 1145
                    :    : | :   |:  : || | | :             |||  |    :|||
Db         1084 LNGMDEELDSPEEL---GTKRICRIITKDFPQ-------------YFAVVSRIKQESNQ- 1126

Qy         1146 VYGIGGG 1152
                  |  ||
Db         1127 -IGPEGG 1132

RESULT 6
B35049
ankyrin 1, erythrocyte splice form 3 - human
N;Alternate names: ankyrin 2.1, erythrocyte; ankyrin-R
N;Contains: ankyrin 2.2, erythrocyte
C;Species: Homo sapiens (man)
C;Date: 17-Nov-1995 #sequence_revision 17-Nov-1995 #text_change 10-Jul-1998
C;Accession: B35049
R;Lambert, S.; Yu, H.; Prchal, J.T.; Lawler, J.; Ruff, P.; Speicher, D.; Cheung, M.C.; K
Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 87, 1730-1734, 1990
A;Title: cDNA sequence for human erythrocyte ankyrin.
A;Reference number: A35049; MUID:90175370; PMID:1689849
A;Accession: B35049
A;Status: preliminary
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-1856 <LAM>
A;Cross-references: UNIPARC:UPI0000177546
C;Genetics:
A;Gene: GDB:ANK1; ANK
A;Cross-references: GDB:118737; OMIM:182900
A;Map position: 8p11.2-8p11.2
C;Superfamily: ankyrin; ankyrin repeat homology
C;Keywords: alternative splicing
F;2-1856/Product: ankyrin 1, erythrocyte form 3 #status predicted <MAT>
F;2-1513,1676-1856/Product: ankyrin 2.2, erythrocyte #status predicted <MA2>
F;44-76/Domain: ankyrin repeat homology <AN01>
F;77-109/Domain: ankyrin repeat homology <AN02>
F;110-142/Domain: ankyrin repeat homology <AN03>
F;143-171/Domain: ankyrin repeat homology <AN04>
F;172-204/Domain: ankyrin repeat homology <AN05>
F;205-237/Domain: ankyrin repeat homology <AN06>
F;238-270/Domain: ankyrin repeat homology <AN07>
F;271-303/Domain: ankyrin repeat homology <AN08>
F;304-336/Domain: ankyrin repeat homology <AN09>
F;337-369/Domain: ankyrin repeat homology <AN10>
F;370-402/Domain: ankyrin repeat homology <AN11>
F;403-435/Domain: ankyrin repeat homology <AN12>
F;436-468/Domain: ankyrin repeat homology <AN13>
F;469-501/Domain: ankyrin repeat homology <AN14>
F;502-534/Domain: ankyrin repeat homology <AN15>
F;535-567/Domain: ankyrin repeat homology <AN16>
F;568-600/Domain: ankyrin repeat homology <AN17>
F;601-633/Domain: ankyrin repeat homology <AN18>
F;634-666/Domain: ankyrin repeat homology <AN19>
F;667-699/Domain: ankyrin repeat homology <AN20>
F;700-732/Domain: ankyrin repeat homology <AN21>
```

```
F;733-765/Domain: ankyrin repeat homology <AN22>
F;766-798/Domain: ankyrin repeat homology <AN23>

  Query Match             13.6%;  Score 880.5;  DB 2;  Length 1856;
  Best Local Similarity   26.0%;  Pred. No. 2.3e-45;
  Matches  294;  Conservative  156;  Mismatches  374;  Indels  307;  Gaps   29;

Qy          105 ACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDG 164
                | : | |: |  |:  | :    |  : :| || ||  |: :||  |:  |||| |:
Db           52 ASKEGHVKMVVELLHKE-IILETTTKKGNTALHIAALAGQDEVVRELVNYGANVNAQSQK 110

Qy          165 GLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEP 224
                |  ||: |    | |||  || :||: |      :|||  |  :|  :|   |: :| :
Db          111 GFTPLYMAAQENHLEVVKFLLENGANQNVATEDGFTPLAVALQQGHENVVAHLINYGTKG 170

Qy          225 TI---------RNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLN 275
                 :         || | |||         |||       ::|  :::|         |||:
Db          171 KVRLPALHIAARNDDTRTA---------AVLLQNDPNPDVL--SKTG--------FTPLH 211

Qy          276 VNCHASD--------GRKS----------TPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKG 317
                :  |  :         | |          ||||:|:    | :|:|||  || :  | |
Db          212 IAAHYENLNVAQLLLNRGSSVNFTPQNGITPLHIASRRGNVIMVRLLLDRGAQIETKTKD 271

Qy          318 DLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADP 377
                :| ||| |   ||  ::|:|: ||| : |      :|:| ||  : ::   ||| | |:
Db          272 ELTPLHCAARNGHVRISEILLDHGAPIQAKTKNGLSPIHMAAQGDHLDCVRLLLQYDAE- 330

Qy          378 TLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQT 437
                          ||                           |:|
Db          331 ----------ID---------------------------DIT----------------LD 337

Qy          438 HETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHE 497
                | | || ||   :    :: ::|| |||  | :     ||||:| :| |  |:|:::|
Db          338 HLTPLHVAA---HCGHHRVAKVLLDKGAKPNSRALNGFTPLHIACKKNHVRVMELLLKTG 394

Qy          498 AKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMG-----NENVQ 552
                | ::|:   | | || |:: |||   : ||  |  ||: :::  | | |       |  :
Db          395 ASIDAVTESGLTPLHVASFMGHLPIVKNLLQRGASPNVSNVKVETPLHMAARAGHTEVAK 454

Qy          553 QLLQE-----------------GISLGNSEADRQLLE------------------AAKAG 577
                 |||                     :|::   : |||                  ||: |
Db          455 YLLQNKAKVNAKAKDDQTPLHCAARIGHTNMVKLLLENNANPNLATTAGHTPLHIAAREG 514

Qy          578 DVETVKKLCTVQ-SVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVP 636
                 ||||  |   : |  |   :|   |||| || | :| | | ||:  |  :|  | || |
Db          515 HVETVLALLEKEASQACMTKKG--FTPLHVAAKYGKVRVAELLLERDAHPNAAGKNGLTP 572

Qy          637 LHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWK-FTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKK 695
                || |  : : :: :||:  |   : :  |  :|||| || : : |: : |||:|     :
Db          573 LHVAVHHNNLDIVKLLLPRGGSPH-SPAWNGYTPLHIAAKQNQVEVARSLLQYGGSANAE 631

Qy          696 NRDGNTPLDL-VKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHS 754
                :  | ||| |  ::|  ::  ||                    ||   | |  :  |
Db          632 SVQGVTPLHLAAQEGHAEMVALL--------------------LSKQANGNLGNKSG--L 669

Qy          755 TPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNA 814
                ||||| |   :: ||: |::||  |:|  : |  ||| |: ||:: :   |::: | |||
Db          670 TPLHLVAQEGHVPVADVLIKHGVMVDATTRMGYTPLHVASHYGNIKLVKFLLQHQADVNA 729

Qy          815 TDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL--------------VS 860
                  |  ::|||:|||:| | :  ||| :|| |   : :| ||| :              |
Db          730 KTKLGYSPLHQAAQQGHTDIVTLLLKNGASPNEVSSDGTTPLAIAKRLGYISVTDVLKVV 789

Qy          861 ADDVSALLTAAMPPSALPSC--------------------------------------YKPQ 884
                 |: | :| :     : |                                      : |:
Db          790 TDETSFVLVSDKHRMSFPETVDEILDVSEDEGEELISFKAERRDSRDVDEEKELLDFVPK 849

Qy          885 VLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLS-----AASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASS 939
                :   | ||          |  | ::       :   :  |  : | | : ||  || : :
Db          850 LDQVVESPAI--------PRIPCAMPETVVIRSEEQEQASKEYDEDSLIPSSPATETSDN 901

Qy          940 LEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHK 999
                :     |     :  |:                             :   |  :  | ||
Db          902 ISPVASPVHTGFLVSFM-----------------------------VDARGGSMRGSRHN 932

Qy         1000 LIKGVE-------------RLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP------------ 1034
                 :: |              ||:  |:   |       |  : :| | |
Db          933 GLRVVIPPRTCAAPTRITCRLVKPQKLSTPPPLAEEEGLASRIIALGPTGAQFLSPVIVE 992

Qy         1035 ---------DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCN 1076
                          |:|   :  |  |  :|||         :||    : :: |
Db          993 IPHFASHGRGDRELVVLRSENGSVWKEHR---------SRYGESYLDQILN 1034


RESULT 7
A35049
ankyrin 1, erythrocyte splice form 2 - human
N;Alternate names: ankyrin 2.1, erythrocyte; ankyrin-R
N;Contains: ankyrin 2.2, erythrocyte
C;Species: Homo sapiens (man)
C;Date: 27-Jul-1990 #sequence_revision 01-Oct-1992 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: A35049
R;Lambert, S.; Yu, H.; Prchal, J.T.; Lawler, J.; Ruff, P.; Speicher, D.; Cheung, M.C.; K
Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 87, 1730-1734, 1990
A;Title: cDNA sequence for human erythrocyte ankyrin.
A;Reference number: A35049; MUID:90175370; PMID:1689849
A;Accession: A35049
A;Status: preliminary
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-1880 <LAM>
A;Cross-references: UNIPROT:P16157; UNIPARC:UPI0000177545; GB:M28880
C;Genetics:
A;Gene: GDB:ANK1; ANK
A;Cross-references: GDB:118737; OMIM:182900
A;Map position: 8p11.2-8p11.2
C;Superfamily: ankyrin; ankyrin repeat homology
C;Keywords: alternative splicing; cytoskeleton
F;2-1880/Product: ankyrin 1, erythrocyte form 2 #status predicted <MAT>
F;2-1513,1676-1880/Product: ankyrin 2.2, erythrocyte #status predicted <MA2>
F;44-76/Domain: ankyrin repeat homology <AN01>
F;77-109/Domain: ankyrin repeat homology <AN02>
F;110-142/Domain: ankyrin repeat homology <AN03>
F;143-171/Domain: ankyrin repeat homology <AN04>
F;172-204/Domain: ankyrin repeat homology <AN05>
F;205-237/Domain: ankyrin repeat homology <AN06>
F;238-270/Domain: ankyrin repeat homology <AN07>
F;271-303/Domain: ankyrin repeat homology <AN08>
F;304-336/Domain: ankyrin repeat homology <AN09>
F;337-369/Domain: ankyrin repeat homology <AN10>
F;370-402/Domain: ankyrin repeat homology <AN11>
F;403-435/Domain: ankyrin repeat homology <AN12>
F;436-468/Domain: ankyrin repeat homology <AN13>
F;469-501/Domain: ankyrin repeat homology <AN14>
F;502-534/Domain: ankyrin repeat homology <AN15>
F;535-567/Domain: ankyrin repeat homology <AN16>
F;568-600/Domain: ankyrin repeat homology <AN17>
F;601-633/Domain: ankyrin repeat homology <AN18>
F;634-666/Domain: ankyrin repeat homology <AN19>
F;667-699/Domain: ankyrin repeat homology <AN20>
F;700-732/Domain: ankyrin repeat homology <AN21>
F;733-765/Domain: ankyrin repeat homology <AN22>
F;766-798/Domain: ankyrin repeat homology <AN23>

  Query Match             13.6%;  Score 880.5;  DB 2;  Length 1880;
  Best Local Similarity   26.0%;  Pred. No. 2.4e-45;
  Matches  294;  Conservative  156;  Mismatches  374;  Indels  307;  Gaps   29;

Qy          105 ACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDG 164
                | : | |: |  |:  | :    |  : :| || ||  |: :||  |:  |||| |:
Db           52 ASKEGHVKMVVELLHKE-IILETTTKKGNTALHIAALAGQDEVVRELVNYGANVNAQSQK 110

Qy          165 GLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEP 224
                |  ||: |    | |||  || :||: |      :|||  |  :|  :|   |: :| :
Db          111 GFTPLYMAAQENHLEVVKFLLENGANQNVATEDGFTPLAVALQQGHENVVAHLINYGTKG 170

Qy          225 TI---------RNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLN 275
                 :         || | |||         |||       ::|  :::|         |||:
Db          171 KVRLPALHIAARNDDTRTA---------AVLLQNDPNPDVL--SKTG--------FTPLH 211

Qy          276 VNCHASD--------GRKS----------TPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKG 317
                :  |  :         | |          ||||:|:    | :|:|||  || :  | |
Db          212 IAAHYENLNVAQLLLNRGSSVNFTPQNGITPLHIASRRGNVIMVRLLLDRGAQIETKTKD 271

Qy          318 DLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADP 377
                :| ||| |   ||  ::|:|: ||| : |      :|:| ||  : ::   ||| | |:
Db          272 ELTPLHCAARNGHVRISEILLDHGAPIQAKTKNGLSPIHMAAQGDHLDCVRLLLQYDAE- 330

Qy          378 TLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQT 437
                          ||                           |:|
Db          331 ----------ID---------------------------DIT----------------LD 337

Qy          438 HETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHE 497
                | | || ||   :    :: ::|| |||  | :     ||||:| :| |  |:|:::|
Db          338 HLTPLHVAA---HCGHHRVAKVLLDKGAKPNSRALNGFTPLHIACKKNHVRVMELLLKTG 394

Qy          498 AKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMG-----NENVQ 552
                | ::|:   | | || |:: |||   : ||  |  ||: :::  | | |       |  :
Db          395 ASIDAVTESGLTPLHVASFMGHLPIVKNLLQRGASPNVSNVKVETPLHMAARAGHTEVAK 454

Qy          553 QLLQE-----------------GISLGNSEADRQLLE------------------AAKAG 577
                 |||                     :|::   : |||                  ||: |
Db          455 YLLQNKAKVNAKAKDDQTPLHCAARIGHTNMVKLLLENNANPNLATTAGHTPLHIAAREG 514

Qy          578 DVETVKKLCTVQ-SVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVP 636
                 ||||  |   : |  |   :|   |||| || | :| | | ||:  |  :|  | || |
Db          515 HVETVLALLEKEASQACMTKKG--FTPLHVAAKYGKVRVAELLLERDAHPNAAGKNGLTP 572

Qy          637 LHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWK-FTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKK 695
                || |  : : :: :||:  |   : :  |  :|||| || : : |: : |||:|     :
Db          573 LHVAVHHNNLDIVKLLLPRGGSPH-SPAWNGYTPLHIAAKQNQVEVARSLLQYGGSANAE 631

Qy          696 NRDGNTPLDL-VKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHS 754
                :  | ||| |  ::|  ::  ||                    ||   | |  :  |
Db          632 SVQGVTPLHLAAQEGHAEMVALL--------------------LSKQANGNLGNKSG--L 669

Qy          755 TPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNA 814
                ||||| |   :: ||: |::||  |:|  : |  ||| |: ||:: :   |::: | |||
Db          670 TPLHLVAQEGHVPVADVLIKHGVMVDATTRMGYTPLHVASHYGNIKLVKFLLQHQADVNA 729

Qy          815 TDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL--------------VS 860
                  |  ::|||:|||:| | :  ||| :|| |   : :| ||| :              |
Db          730 KTKLGYSPLHQAAQQGHTDIVTLLLKNGASPNEVSSDGTTPLAIAKRLGYISVTDVLKVV 789

Qy          861 ADDVSALLTAAMPPSALPSC------------------------------------YKPQ 884
                 |: | :|  :     :  |                                      : |:
Db          790 TDETSFVLVSDKHRMSFPETVDEILDVSEDEGEELISFKAERRDSRDVDEEKELLDFVPK 849

Qy          885 VLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLS-----AASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASS 939
                :   | ||          |  | ::       :   :  |  : | | : ||  || : :
Db          850 LDQVVESPAI--------PRIPCAMPETVVIRSEEQEQASKEYDEDSLIPSSPATETSDN 901

Qy          940 LEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHK 999
                :     |     :  |:                             :   | :  | ||
Db          902 ISPVASPVHTGFLVSFM-----------------------------VDARGGSMRGSRHN 932

Qy         1000 LIKGVE-------------RLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP------------ 1034
                 :: |              ||:  |:   |       |  : :| | |
Db          933 GLRVVIPPRTCAAPTRITCRLVKPQKLSTPPPLAEEEGLASRIIALGPTGAQFLSPVIVE 992

Qy         1035 ---------DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCN 1076
                          |:|   :  |  |  :|||         :||    : :: |
Db          993 IPHFASHGRGDRELVVLRSENGSVWKEHR---------SRYGESYLDQILN 1034


RESULT 8
SJHUK
ankyrin 1, erythrocyte splice form 1 - human
N;Alternate names: ankyrin 2.1, erythrocyte; ankyrin-R
N;Contains: ankyrin 2.2
```

```
C;Species: Homo sapiens (man)
C;Date: 30-Sep-1991 #sequence_revision 30-Sep-1991 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: S08275; A33219; PC2220; A35443
R;Lux, S.E.; John, K.M.; Bennett, V.
Nature 344, 36-42, 1990
A;Title: Analysis of cDNA for human erythrocyte ankyrin indicates a repeated structure w
A;Reference number: S08275; MUID:90158830; PMID:2137557
A;Accession: S08275
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-1881 <LU1>
A;Cross-references: UNIPROT:P16157; UNIPARC:UPI0000167B64; EMBL:X16609; NID:g28701; PIDN
A;Accession: A33219
A;Molecule type: protein
A;Residues: 2-7,'X',9-17,'X',19-20,'T',22-30;733-749,'A',751-753;828-833,'X',835-855,'X'
X',1367;1383-1427;1601-1630;1686-1698,'D',1700;1763-1772 <LUX>
A;Cross-references: UNIPARC:UPI0000173DC3; UNIPARC:UPI0000173DC4; UNIPARC:UPI0000173DC5;
DCA; UNIPARC:UPI0000173DCB; UNIPARC:UPI0000173DCC; UNIPARC:UPI0000173DCD; UNIPARC:UPI000
A;Note: 845-Arg and 1392-Thr were also found
R;Hermann, J.; Barel, M.; Frade, R.
Biochem. Biophys. Res. Commun. 204, 453-460, 1994
A;Title: Human erythrocyte ankyrin, a cytoskeleton component, generates the p57 membrane
A;Reference number: PC2220; MUID:95071348; PMID:7526850
A;Accession: PC2220
A;Molecule type: protein
A;Residues: 910-929 <HER>
A;Cross-references: UNIPARC:UPI0000173DD0
R;Davis, L.H.; Bennett, V.
J. Biol. Chem. 265, 10589-10596, 1990
A;Title: Mapping the binding sites of human erythrocyte ankyrin for the anion exchanger
A;Reference number: A35443; MUID:90285190; PMID:2141335
A;Accession: A35443
A;Molecule type: protein
A;Residues: 'X',5,'X',7-12;403-417,'X',419-422,'H',424,'LQ';797-800,'L',802-814;862-863,
A;Cross-references: UNIPARC:UPI0000173DD1; UNIPARC:UPI0000173DD2; UNIPARC:UPI0000173DD3;
C;Genetics:
A;Gene: GDB:ANK1; ANK
A;Cross-references: GDB:118737; OMIM:182900
A;Map position: 8p11.2-8p11.2
C;Superfamily: ankyrin; ankyrin repeat homology
C;Keywords: alternative splicing; phosphoprotein
F;2-1881/Product: ankyrin 1, erythrocyte form 1 #status predicted <MAT1>
F;2-1512,1675-1881/Product: ankyrin 2.2, erythrocyte #status predicted <MAT2>
F;2-827/Domain: 89K #status predicted <DOM1>
F;2-827/Region: anion exchange protein binding
F;44-76/Domain: ankyrin repeat homology <AN01>
F;77-109/Domain: ankyrin repeat homology <AN02>
F;110-142/Domain: ankyrin repeat homology <AN03>
F;143-171/Domain: ankyrin repeat homology <AN04>
F;172-204/Domain: ankyrin repeat homology <AN05>
F;205-237/Domain: ankyrin repeat homology <AN06>
F;238-270/Domain: ankyrin repeat homology <AN07>
F;271-303/Domain: ankyrin repeat homology <AN08>
F;304-336/Domain: ankyrin repeat homology <AN09>
F;337-369/Domain: ankyrin repeat homology <AN10>
F;370-402/Domain: ankyrin repeat homology <AN11>
F;403-435/Domain: ankyrin repeat homology <AN12>
F;436-468/Domain: ankyrin repeat homology <AN13>
F;469-501/Domain: ankyrin repeat homology <AN14>
F;502-534/Domain: ankyrin repeat homology <AN15>
F;535-567/Domain: ankyrin repeat homology <AN16>
F;568-600/Domain: ankyrin repeat homology <AN17>
F;601-633/Domain: ankyrin repeat homology <AN18>
F;634-666/Domain: ankyrin repeat homology <AN19>
F;667-699/Domain: ankyrin repeat homology <AN20>
F;700-732/Domain: ankyrin repeat homology <AN21>
F;733-765/Domain: ankyrin repeat homology <AN22>
F;766-798/Domain: ankyrin repeat homology <AN23>
F;828-1382/Domain: 62K #status predicted <DOM2>
F;828-1382/Region: spectrin binding
F;1383-1881/Domain: 55K #status predicted <DOM3>

  Query Match             13.6%;  Score 878.5;  DB 1;  Length 1881;
  Best Local Similarity   25.8%;  Pred. No. 3.2e-45;
```

```
  Matches  292;  Conservative  157;  Mismatches  375;  Indels  307;  Gaps   28;

Qy        105 ACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDG 164
              | : | |: |  |:  | :    |  : :| || ||  |: :||  |:  |||| |:
Db         52 ASKEGHVKMVVELLHKE-IILETTTKKGNTALHIAALAGQDEVVRELVNYGANVNAQSQK 110

Qy        165 GLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEP 224
              |  ||: |    | |||  || :||: |      :|||  |  :|  :|   |: :| :
Db        111 GFTPLYMAAQENHLEVVKFLLENGANQNVATEDGFTPLAVALQQGHENVVAHLINYGTKG 170

Qy        225 TI---------RNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLN 275
               :         || | |||         |||       ::|  :::|         |||:
Db        171 KVRLPALHIAARNDDTRTA---------AVLLQNDPNPDVL--SKTG--------FTPLH 211

Qy        276 VNCHASDGRKS------------------TPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKG 317
              :  |  :   :                  ||||:|:    | :|:|||  || :  | |
Db        212 IAAHYENLNVAQLLLNRGASVNFTPQNGITPLHIASRRGNVIMVRLLLDRGAQIETKTKD 271

Qy        318 DLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADP 377
              :| ||| |   ||  ::|:|: ||| : |      :|:| ||  : ::   ||| | |:
Db        272 ELTPLHCAARNGHVRISEILLDHGAPIQAKTKNGLSPIHMAAQGDHLDCVRLLLQYDAE- 330

Qy        378 TLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQT 437
                        ||                           |:|
Db        331 ----------ID---------------------------DIT----------------LD 337

Qy        438 HETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHE 497
              | | || ||   :    :: ::|| |||  | :     ||||:| :| |  |:|:::|
Db        338 HLTPLHVAA---HCGHHRVAKVLLDKGAKPNSRALNGFTPLHIACKKNHVRVMELLLKTG 394

Qy        498 AKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMG-----NENVQ 552
              | ::|:   | | || |:: |||   : ||  |  ||: :::  | | |       |  :
Db        395 ASIDAVTESGLTPLHVASFMGHLPIVKNLLQRGASPNVSNVKVETPLHMAARAGHTEVAK 454

Qy        553 QLLQE-----------------GISLGNSEADRQLLE------------------AAKAG 577
               |||                     :|::   : |||                  ||: |
Db        455 YLLQNKAKVNAKAKDDQTPLHCAARIGHTNMVKLLLENNANPNLATTAGHTPLHIAAREG 514

Qy        578 DVETVKKLCTVQ-SVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVP 636
               ||||  |   : |  |   :|   |||| || | :| | | ||:  |  :|  | || |
Db        515 HVETVLALLEKEASQACMTKKG--FTPLHVAAKYGKVRVAELLLERDAHPNAAGKNGLTP 572

Qy        637 LHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWK-FTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKK 695
              || |  : : :: :||:  |   : :  |  :|||| || : : |: : |||:|     :
Db        573 LHVAVHHNNLDIVKLLLPRGGSPH-SPAWNGYTPLHIAAKQNQVEVARSLLQYGGSANAE 631

Qy        696 NRDGNTPLDL-VKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHS 754
              :  | ||| |  ::|  ::  ||                    ||   | |  :  |
Db        632 SVQGVTPLHLAAQEGHAEMVALL--------------------LSKQANGNLGNKSG--L 669

Qy        755 TPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNA 814
              ||||| |   :: ||: |::||  |:|  : |  ||| |: ||:: :   |::: | |||
Db        670 TPLHLVAQEGHVPVADVLIKHGVMVDATTRMGYTPLHVASHYGNIKLVKFLLQHQADVNA 729

Qy        815 TDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL--------------VS 860
                |  ::|||:|||:| | :  ||| :|| |   : :| ||| :              |
Db        730 KTKLGYSPLHQAAQQGHTDIVTLLLKNGASPNEVSSDGTTPLAIAKRLGYISVTDVLKVV 789

Qy        861 ADDVSALLTAAMPPSALPSC------------------------------------YKPQ 884
               |: | :| :     : |                                      : |:
Db        790 TDETSFVLVSDKHRMSFPETVDEILDVSEDEGEELISFKAERRDSRDVDEEKELLDFVPK 849

Qy        885 VLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLS-----AASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASS 939
              :   | ||          |  | ::       :   :  |  : | | : ||  || : :
Db        850 LDQVVESPAI--------PRIPCAMPETVVIRSEEQEQASKEYDEDSLIPSSPATETSDN 901

Qy        940 LEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHK 999
              :     |     :  |:                             :   | :  | ||
Db        902 ISPVASPVHTGFLVSFM-----------------------------VDARGGSMRGSRHN 932

Qy       1000 LIKGVE-------------RLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP------------ 1034
               :: |              ||:  |:   |       |  : :| | |
Db        933 GLRVVIPPRTCAAPTRITCRLVKPQKLSTPPPLAEEEGLASRIIALGPTGAQFLSPVIVE 992
```

```
Qy       1035 ---------DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCN 1076
                        |:|   :  |  |  :|||         :||    : :  |
Db        993 IPHFASHGRGDRELVVLRSENGSVWKEHR---------SRYGESYLDQILN 1034


RESULT 9
S37431
ankyrin 2, neuronal long splice form - human
N;Alternate names: ankyrin B, 440K splice form; ankyrin-B; brain ankyrin; non-erythroid
N;Contains: ankyrin 2, short form
C;Species: Homo sapiens (man)
C;Date: 06-Jan-1995 #sequence_revision 06-Jan-1995 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: S37431; A39643; B39643; A40334; A49462; S14533; S14569
R;Chan, W.
submitted to the EMBL Data Library, September 1993
A;Reference number: S37431
A;Accession: S37431
A;Status: preliminary
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-3924 <CHA>
A;Cross-references: UNIPROT:Q01484; UNIPARC:UPI0000125B19; EMBL:Z26634; NID:g406287; PID
R;Otto, E.; Kunimoto, M.; McLaughlin, T.; Bennett, V.
J. Cell Biol. 114, 241-253, 1991
A;Title: Isolation and characterization of cDNAs encoding human brain ankyrins reveal a
A;Reference number: A39643; MUID:91302466; PMID:1830053
A;Accession: A39643
A;Status: preliminary
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-2077 <OT1>
A;Cross-references: UNIPARC:UPI0000177547; GB:X56957
A;Accession: B39643
A;Status: preliminary
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-1443,3585-3924 <OTT>
A;Cross-references: UNIPARC:UPI0000177548; EMBL:X56958
R;Tse, W.T.; Menninger, J.C.; Yang-Feng, T.L.; Francke, U.; Sahr, K.E.; Lux, S.E.; Ward,
Genomics 10, 858-866, 1991
A;Title: Isolation and chromosomal localization of a novel nonerythroid ankyrin gene.
A;Reference number: A40334; MUID:92009921; PMID:1833308
A;Accession: A40334
A;Molecule type: DNA
A;Residues: 463-474,'PE',477-495 <TSE>
A;Cross-references: UNIPARC:UPI000016A55B; GB:M37123; NID:g178647; PIDN:AAA62828.1; PID:
R;Chan, W.; Kordeli, E.; Bennett, V.
J. Cell Biol. 123, 1463-1473, 1993
A;Title: 440-kD ankyrinB: structure of the major developmentally regulated domain and se
A;Reference number: A49462; MUID:94075409; PMID:8253844
A;Accession: A49462
A;Status: preliminary; nucleic acid sequence not shown
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-3924 <RES>
A;Cross-references: UNIPARC:UPI0000125B19; EMBL:Z26634; NID:g406287; PIDN:CAA81387.1; PI
C;Genetics:
A;Gene: GDB:ANK2
A;Cross-references: GDB:127607; OMIM:106410
A;Map position: 4q25-4q27
C;Superfamily: ankyrin; ankyrin repeat homology
C;Keywords: alternative splicing
F;2-3924/Product: ankyrin 2, long form #status predicted <MAT>
F;2-1443,3585-3924/Product: ankyrin 2, short form #status predicted <MA2>
F;63-95/Domain: ankyrin repeat homology <AN01>
F;96-128/Domain: ankyrin repeat homology <AN02>
F;129-161/Domain: ankyrin repeat homology <AN03>
F;162-190/Domain: ankyrin repeat homology <AN04>
F;191-223/Domain: ankyrin repeat homology <AN05>
F;232-264/Domain: ankyrin repeat homology <AN06>
F;265-297/Domain: ankyrin repeat homology <AN07>
F;298-330/Domain: ankyrin repeat homology <AN08>
F;331-363/Domain: ankyrin repeat homology <AN09>
F;364-396/Domain: ankyrin repeat homology <AN10>
F;397-429/Domain: ankyrin repeat homology <AN11>
F;430-462/Domain: ankyrin repeat homology <AN12>
```

```
F;463-495/Domain: ankyrin repeat homology <AN13>
F;496-528/Domain: ankyrin repeat homology <AN14>
F;529-561/Domain: ankyrin repeat homology <AN15>
F;562-594/Domain: ankyrin repeat homology <AN16>
F;595-627/Domain: ankyrin repeat homology <AN17>
F;628-660/Domain: ankyrin repeat homology <AN18>
F;661-693/Domain: ankyrin repeat homology <AN19>
F;694-726/Domain: ankyrin repeat homology <AN20>
F;727-759/Domain: ankyrin repeat homology <AN21>
F;760-792/Domain: ankyrin repeat homology <AN22>
F;793-825/Domain: ankyrin repeat homology <AN23>

  Query Match             13.6%;  Score 877;  DB 2;  Length 3924;
  Best Local Similarity   29.7%;  Pred. No. 1.2e-44;
  Matches  293;  Conservative  137;  Mismatches  402;  Indels  156;  Gaps   23;

Qy        105 ACRNGDVER-VKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDD 163
              | | |:::: |: |     :|: :  |  :  || ||  |   :|: ||  |::| :
Db         38 AARAGNLDKVVEYLKGGIDINTCNQNGLNA--LHLAAKEGHVGLVQELLGRGSSVDSATK 95

Qy        164 GGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAE 223
               |   || |   | |||| :|:: ||: ||:    :|||: || :  |||   ||::||
Db         96 KGNTALHIASLAGQAEVVKVLVKEGANINAQSQNGFTPLYMAAQENHIDVVKYLLENGAN 155

Qy        224 PTIRNTDGRT----ALDLADPSAKAVLTGEYKKDEL----LESARSGNEEKMMALLTPLN 275
               :    || |    ||      | |:|     | ::    |  |   :: |  |||
Db        156 QSTATEDGFTPLAVALQQGHNQAVAILLENDTKGKVRLPALHIAARKDDTKSAALLLQ-- 213

Qy        276 VNCHASDGRKS-----------TPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHN 324
               | | :| :             ||||:|| |  | :  |||  || |    :  : |||
Db        214 -NDHNADVQSKMMVNRTTESGFTPLHIAAHYGNVNVATLLLNRGAAVDFTARNGITPLHV 272

Qy        325 ACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHN 384
              |   |:  : :||:  |  ::|      |||| ||     :|  |||  || | |    |
Db        273 ASKRGNTNMVKLLLDRGGQIDAKTRDGLTPLHCAARSGHDQVVELLLERGA-PLLARTKN 331

Qy        385 KSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHP-----QTHE 439
                                   | | |  | : |     |||    :  | |       :
Db        332 ---------------------GLSPLHMAAQGDHVECVKHL----LQHKAPVDDVTLDYL 366

Qy        440 TALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAK 499
              |||| ||   :    :: :||| | || | :     ||||:| :|    |:|::||: |
Db        367 TALHVAA---HCGHYRVTKLLLDKRANPNARALNGFTPLHIACKKNRIKVMELLVKYGAS 423

Qy        500 VNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGN-----ENVQQL 554
              : |:   | | :| ||: |||    |||  |  |:: :::| ||| |       | |: |
Db        424 IQAITESGLTPIHVAAFMGHLNIVLLLLQNGASPDVTNIRGETALHMAARAGQVEVVRCL 483

Qy        555 LQEGI-----------------SLGNSEADRQLLE------------------AAKAGDV 579
              |: |                   || :|  : ||:                  :|: | |
Db        484 LRNGALVDARAREEQTPLHIASRLGKTEIVQLLLQHMAHPDAATTNGYTPLHISAREGQV 543

Qy        580 ETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHN 639
              :    |    : :    : :  |||| || |  : | : |||  |   :  | || |||
Db        544 DVASVLLEAGAAHSLATK-KGFTPLHVAAKYGSLDVAKLLLQRRAAADSAGKNGLTPLHV 602

Qy        640 ACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDG 699
              |  | : :|| ||:: ||  :      :|||| || | : :|   || :||:     : |
Db        603 AAHYDNQKVALLLLEKGASPHATAKNGYTPLHIAAKKNQMQIASTLLNYGAETNIVTKQG 662

Qy        700 NTPLDLV-KDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLH 758
               ||| |  ::| ||:  ||    | :  : |  |                      | ||
Db        663 VTPLHLASQEGHTDMVTLLLDKGANIHMSTKSGL----------------------TSLH 700

Qy        759 LAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKW 818
              |||  : : ||: | :|||| :|  | |  ||  |  ||:| :   |:|  | |||  |
Db        701 LAAQEDKVNVADILTKHGADQDAHTKLGYTPLIVACHYGNVKMVNFLLKQGANVNAKTKN 760

Qy        819 AFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL------VSADDVSALLTAAM 872
               :||||:|||:| | :  :|| ||| |      | | | :      :|  |   ::|  :
Db        761 GYTPLHQAAQQGHTHIINVLLQHGAKPNATTANGNTALAIAKRLGYISVVDTLKVVTEEV 820

Qy        873 PPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSEL------- 925
```

```
                 :      |    : :  |    : |         :|     | ::|   |
Db           821 TTTTTTITEK----HKLNVPETMTEVL--------DVSDEEGDDTMTGDGGEYLRPEDLK 868

Qy           926 ----SSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFV--RNLGLEHLMDIFEREQITLDVLV 979
                      |: ||   :| : |      |   |:  |   |:  | |    : |:   :|  |
Db           869 ELGDDSLPSSQFLDGMNYLRYSLEGGRSDSLRSFSSDRSHTLSHAS--YLRDSAVMDDSV 926

Qy           980 EMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERL 1007
                  :   ::  :   |  : ::|  | | |
Db           927 VIPSHQVSTLAKEAERNSYRLSWGTENL 954


RESULT 10
S37771
ankyrin, erythrocyte - mouse
C;Species: Mus musculus (house mouse)
C;Date: 27-May-1994 #sequence_revision 03-Aug-1995 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: S37771
R;Birkenmeier, C.S.; White, R.A.; Peters, L.L.; Hall, E.J.; Lux, S.E.; Barker, J.E.
J. Biol. Chem. 268, 9533-9540, 1993
A;Title: Complex patterns of sequence variation and multiple 5' and 3' ends are found am
A;Reference number: S37771; MUID:93252825; PMID:8486643
A;Accession: S37771
A;Status: preliminary
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-1848 <BIR>
A;Cross-references: UNIPROT:Q61302; UNIPARC:UPI0000028360; EMBL:X69063; NID:g311816; PID
C;Superfamily: ankyrin; ankyrin repeat homology
C;Keywords: alternative splicing
F;48-80/Domain: ankyrin repeat homology <AN01>
F;81-113/Domain: ankyrin repeat homology <AN02>
F;114-146/Domain: ankyrin repeat homology <AN03>
F;147-175/Domain: ankyrin repeat homology <AN04>
F;176-208/Domain: ankyrin repeat homology <AN05>
F;209-241/Domain: ankyrin repeat homology <AN06>
F;242-274/Domain: ankyrin repeat homology <AN07>
F;275-307/Domain: ankyrin repeat homology <AN08>
F;308-340/Domain: ankyrin repeat homology <AN09>
F;341-373/Domain: ankyrin repeat homology <AN10>
F;374-406/Domain: ankyrin repeat homology <AN11>
F;407-439/Domain: ankyrin repeat homology <AN12>
F;440-472/Domain: ankyrin repeat homology <AN13>
F;473-505/Domain: ankyrin repeat homology <AN14>
F;506-538/Domain: ankyrin repeat homology <AN15>
F;539-571/Domain: ankyrin repeat homology <AN16>
F;572-604/Domain: ankyrin repeat homology <AN17>
F;605-637/Domain: ankyrin repeat homology <AN18>
F;638-670/Domain: ankyrin repeat homology <AN19>
F;671-703/Domain: ankyrin repeat homology <AN20>
F;704-736/Domain: ankyrin repeat homology <AN21>
F;737-769/Domain: ankyrin repeat homology <AN22>
F;770-802/Domain: ankyrin repeat homology <AN23>

  Query Match             13.6%;  Score 876;  DB 2;  Length 1848;
  Best Local Similarity   29.7%;  Pred. No. 4.4e-45;
  Matches  250;  Conservative  132;  Mismatches  281;  Indels  178;  Gaps   21;

Qy           105 ACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDG 164
                 | : | |: |  |:  | :    |  : :| || ||  |: :||  |:  |||| |:
Db            56 ASKEGHVKMVVELLHKE-IILETTTKKGNTALHIAALAGQDEVVRELVNYGANVNAQSQK 114

Qy           165 GLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEP 224
                 |  ||: |    | |||  || :||: |      :|||  |  :|  :|   |: :| :
Db           115 GFTPLYMAAQENHLEVVKFLLENGANQNVATEDGFTPLAVALQQGHENVVAHLINYGTKG 174

Qy           225 TI---------RNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLN 275
                  :         || | |||         |||       ::|  :::|         |||:
Db           175 KVRLPALHIAARNDDTRTA---------AVLLQNDPNPDVL--SKTG--------FTPLH 215

Qy           276 VNCHASDGRKS------------------TPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKG 317
                 :  |  :   :                  ||||:|:    | :|:|||  || :  : |
Db           216 IAAHYENLNVAQLLLNRGASVNFTPQNGITPLHIASRRGNVIMVRLLLDRGAQIETRTKD 275

Qy           318 DLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADP 377
                 :| ||| |   ||  ::|:|: ||| : |      :|:| ||  : ::   ||| | |:
Db           276 ELTPLHCAARNGHVRISEILLDHGAPIQAKTKNGLSPIHMAAQGDHLDCVRLLLQYNAE- 334

Qy           378 TLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQT 437
                           ||                           |:|
Db           335 ----------ID---------------------------DIT----------------LD 341

Qy           438 HETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHE 497
                 | | || ||   :    :: ::|| |||  | :     ||||:| :| |  |:|:::|
Db           342 HLTPLHVAA---HCGHHRVAKVLLDKGAKPNSRALNGFTPLHIACKKNHIRVMELLLKTG 398

Qy           498 AKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQM----GNENVQQ 553
                 | ::|:   | | || |:: |||   : ||  |  ||: :::  | | |    |:  | :
Db           399 ASIDAVTESGLTPLHVASFMGHLPIVKNLLQRGASPNVSNVKVETPLHMAARAGHTEVAK 458

Qy           554 LLQEGISLGNSEAD------------------RQLLE------------------AAKAG 577
                  | :  :  |::|                   : |||                  ||: |
Db           459 YLLQNKAKANAKAKDDQTPLHCAARIGHTGMVKLLLENGASPNLATTAGHTPLHTAAREG 518

Qy           578 DVETVKKLCTVQ-SVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVP 636
                  |:|   |   : |  |   :|   |||| || | :| : | ||:| |  :|  | || |
Db           519 HVDTALALLEKEASQACMTKKG--FTPLHVAAKYGKVRLAELLLEHDAHPNAAGKNGLTP 576

Qy           637 LHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWK-FTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKK 695
                 || |  : : :: :||:  |   : :  |  :||||| || : : |: : ||||:|     :
Db           577 LHVAVHHNNLDIVKLLLPRGGSPH-SPAWNGYTPLHIAAKQNQIEVARSLLQYGGSANAE 635

Qy           696 NRDGNTPLDL-VKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHS 754
                 :  | ||| |  ::| |::  ||                    ||   | |  :  |
Db           636 SVQGVTPLHLAAQEGHTEMVALL--------------------LSKQANGNLGNKSG--L 673

Qy           755 TPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNA 814
                 ||||| :   :: ||: |::||  |:|  : |  ||| |: ||:: :   |::: | |||
Db           674 TPLHLVSQEGHVPVADVLIKHGVTVDATTRMGYTPLHVASHYGNIKLVKFLLQHQADVNA 733

Qy           815 TDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL------VSADDVSALL 868
                   |  ::|||:|||:| | :  ||| :|| |   :  | ||| :      :|  ||  ::
Db           734 KTKLGYSPLHQAAQQGHTDIVTLLLKNGASPNEVSSNGTTPLAIAKRLGYISVTDVLKVV 793

Qy           869 T 869
                 |
Db           794 T 794


RESULT 11
I49502
ankyrin - mouse
C;Species: Mus musculus (house mouse)
C;Date: 02-Jul-1996 #sequence_revision 02-Jul-1996 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: I49502
R;White, R.A.; Birkenmeier, C.S.; Peters, L.L.; Barker, J.E.; Lux, S.E.
Mamm. Genome 3, 281-285, 1992
A;Title: Murine erythrocyte ankyrin cDNA: Highly conserved regions of the regulatory doma
A;Reference number: I49502; MUID:92345717; PMID:1386265
A;Accession: I49502
A;Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DDBJ
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-1862 <RES>
A;Cross-references: UNIPROT:Q02357; UNIPARC:UPI000002921E; GB:M84756; NID:g191939; PIDN:
C;Genetics:
A;Gene: Ank-1
C;Superfamily: ankyrin; ankyrin repeat homology
C;Keywords: alternative splicing
F;40-72/Domain: ankyrin repeat homology <AN01>
F;73-105/Domain: ankyrin repeat homology <AN02>
F;106-138/Domain: ankyrin repeat homology <AN03>
F;139-167/Domain: ankyrin repeat homology <AN04>
F;168-200/Domain: ankyrin repeat homology <AN05>
F;201-233/Domain: ankyrin repeat homology <AN06>
F;234-266/Domain: ankyrin repeat homology <AN07>
F;267-299/Domain: ankyrin repeat homology <AN08>
F;300-332/Domain: ankyrin repeat homology <AN09>
```

```
F;333-365/Domain: ankyrin repeat homology <AN10>
F;366-398/Domain: ankyrin repeat homology <AN11>
F;399-431/Domain: ankyrin repeat homology <AN12>
F;432-464/Domain: ankyrin repeat homology <AN13>
F;465-497/Domain: ankyrin repeat homology <AN14>
F;498-530/Domain: ankyrin repeat homology <AN15>
F;531-563/Domain: ankyrin repeat homology <AN16>
F;564-596/Domain: ankyrin repeat homology <AN17>
F;597-629/Domain: ankyrin repeat homology <AN18>
F;630-662/Domain: ankyrin repeat homology <AN19>
F;663-695/Domain: ankyrin repeat homology <AN20>
F;696-728/Domain: ankyrin repeat homology <AN21>
F;729-761/Domain: ankyrin repeat homology <AN22>
F;762-794/Domain: ankyrin repeat homology <AN23>

  Query Match             13.5%;  Score 874;  DB 2;  Length 1862;
  Best Local Similarity   29.7%;  Pred. No. 5.9e-45;
  Matches  250;  Conservative  132;  Mismatches  281;  Indels  178;  Gaps   21;

Qy        105 ACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDG 164
              | : | |: |  |:  | :    |  : :| || ||  |: :||  |:  |||| |:
Db         48 ASKEGHVKMVVELLHKE-IILETTTKKGNTALHIAALAGQDEVVRELVNYGANVNAQSQK 106

Qy        165 GLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEP 224
              |  ||: |    | |||  || :||: |      :|||  |  :|  :|   |: :| :
Db        107 GFTPLYMAAQENHLEVVKFLLENGANQNVATEDGFTPLAVALQQGHENVVAHLINYGTKG 166

Qy        225 TI---------RNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLN 275
               :         || | |||         |||       ::|  :::|         |||:
Db        167 KVRLPALHIAARNDDTRTA---------AVLLQNDPNPDVL--SKTG--------FTPLH 207

Qy        276 VNCHASDGRKS------------------TPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKG 317
              :  |  :   :                  ||||:|:    | :|:|||  || :  : |
Db        208 IAAHYENLNVAQLLLNRGASVNFTPQNGITPLHIASRRGNVIMVRLLLDRGAQIETRTKD 267

Qy        318 DLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADP 377
              :| ||| |   ||  ::|:|: ||| : |      :|:| ||  : ::   ||| | |:
Db        268 ELTPLHCAARNGHVRISEILLDHGAPIQAKTKNGLSPIHMAAQGDHLDCVRLLLQYNAE- 326

Qy        378 TLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQT 437
                        ||                           |:|
Db        327 ----------ID---------------------------DIT----------------LD 333

Qy        438 HETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHE 497
              | | || ||   :    :: ::|| |||  | :     ||||:| :| |  |:|:::|
Db        334 HLTPLHVAA---HCGHHRVAKVLLDKGAKPNSRALNGFTPLHIACKKNHIRVMELLLKTG 390

Qy        498 AKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQM----GNENVQQ 553
              | ::|:   | | || |:: |||   : ||  |  ||: :::  | | |    |:  | :
Db        391 ASIDAVTESGLTPLHVASFMGHLPIVKNLLQRGASPNVSNVKVETPLHMAARAGHTEVAK 450

Qy        554 LLQEGISLGNSEAD------------------RQLLE------------------AAKAG 577
               | :  :  |::|                   : |||                  ||: |
Db        451 YLLQNKAKANAKAKDDQTPLHCAARIGHTGMVKLLLENGASPNLATTAGHTPLHTAAREG 510

Qy        578 DVETVKKLCTVQ-SVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVP 636
               |:|   |   : |  |   :|   |||| || | :| : | ||:| |  :|  | || |
Db        511 HVDTALALLEKEASQACMTKKG--FTPLHVAAKYGKVRLAELLLEHDAHPNAAGKNGLTP 568

Qy        637 LHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWK-FTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKK 695
              || |  : : :: :||:  |   : :  |  :|||| || : : |: : |||:|     :
Db        569 LHVAVHHNNLDIVKLLLPRGGSPH-SPAWNGYTPLHIAAKQNQIEVARSLLQYGGSANAE 627

Qy        696 NRDGNTPLDL-VKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHS 754
              :  | ||| |  ::| |::  ||                    ||   | |  :  |
Db        628 SVQGVTPLHLAAQEGHTEMVALL--------------------LSKQANGNLGNKSG--L 665

Qy        755 TPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNA 814
              ||||| :   :: ||: |::||  |:|  : |  ||| |: ||:: :   |::: | |||
Db        666 TPLHLVSQEGHVLVADVLIKHGVTVDATTRMGYTPLHVASHYGNIKLVKFLLQHQADVNA 725

Qy        815 TDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL------VSADDVSALL 868
                |  ::|||:|||:| | :  ||| :|| |   :  | ||| :      :|  ||  ::
```

```
Db        726 KTKLGYSPLHQAAQQGHTDIVTLLLKNGASPNEVSSNGTTPLAIAKRLGYISVTDVLKVV 785

Qy        869 T 869
              |
Db        786 T 786


RESULT 12
T13940
ankyrin - fruit fly (Drosophila melanogaster)
C;Species: Drosophila melanogaster
C;Date: 20-Sep-1999 #sequence_revision 20-Sep-1999 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: T13940
R;Dubreuil, R.R.; Yu, J.
Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 91, 10285-10289, 1994
A;Title: Ankyrin and beta-spectrin accumulate independently of alpha-spectrin in Drosophi
A;Reference number: Z17820; MUID:95024098; PMID:7937942
A;Accession: T13940
A;Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DDBJ
A;Molecule type: DNA
A;Residues: 1-1549 <DUB>
A;Cross-references: UNIPROT:Q24241; UNIPARC:UPI000007E386; EMBL:L35601; NID:g557083; PID:
C;Genetics:
A;Cross-references: FlyBase:FBgn0011747

  Query Match             13.4%;  Score 866.5;  DB 2;  Length 1549;
  Best Local Similarity   27.4%;  Pred. No. 1.3e-44;
  Matches  311;  Conservative  173;  Mismatches  492;  Indels  159;  Gaps   34;

Qy         98 AARELFEACRNGDVERVKRLV---TPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQN 154
              |      | |:||:::|   :       :|| :  |  :  || ||  |  |:   ||:
Db         38 ATISFLRAARSGDIKKVMDFLDCGEISDINSCNANGLNA--LHLAAKDGYVDICCELLRR 95

Qy        155 GANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVC 214
              |  :      |   || |   |  :|:| |: : |: | :    :|||: || :   : |
Db         96 GIKIDNATKKGNTALHIASLAGQHDVINQLILYNANVNVQSLNGFTPLYMAAQENHDNCC 155

Qy        215 IVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLA-----DPSAKAVLTGEYK---KDELLESARSGNEEK 266
                || :|| |::   || | | :|     |     :|  : :   :   |  |   |:
Db        156 RTLLANGANPSLSTEDGFTPLAVAMQQGHDKIVAVLLENDVRGKVRLPALHIAAKKNDVN 215

Qy        267 MMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNAC 326
                 ||   : |         ||||:|| |  | |  ||| : |||:   | :: ||| ||
Db        216 AAKLLLQHDPNADIVSKSGFTPLHIAAHYGNVDIATLLLNNKADVNYVAKHNITPLHVAC 275

Qy        327 SYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHN-K 385
               :|   :  ||:  || ::|      |||| |:    |||   ||   | | |    |
Db        276 KWGKLSLCTLLLCRGAKIDAATRDGLTPLHCASRSGHVEVIKHLLQQNA-PILTKTKNGL 334

Qy        386 SAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLE------------MVNF 432
              ||: :|   :      ::   | ||      |   :    :|              ::::
Db        335 SALHMAAQGE------HDEAAHLLLDNKAPVDEVTVDYLTALHVAAHCGHVKVAKLLLDY 388

Qy        433 K-HPQTHE----TALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHN 487
              | :|        | || |       | :: |||:: ||||   |:  ||||||||
Db        389 KANPNARALNGFTPLHIACKK---NRIKMVELLIKHGANIGATTESGLTPLHVASFMGCI 445

Qy        488 DVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTAL--- 544
              ::|  :::|||  :     |:| || ||        |:||      : |  :| | |
Db        446 NIVIYLLQHEASADLPTIRGETPLHLAARANQADIIRILLR-SAKVDAIVREGQTPLHVA 504

Qy        545 -QMGNEN-VQQLLQEGISLGNSEADR--QLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQ 600
               ::|| | :  ||| |  :     |:   |  ||| |    |: |    : |   :  :
Db        505 SRLGNINIIMLLLQHGAEINAQSNDKYSALHIAAKEGQENIVQVLLENGAEN-NAVTKKG 563

Qy        601 STPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVN 660
               |||| |  | : :||: |||:|| :  : |  : ||| |  | :  : |||:|:|:  |
Db        564 FTPLHLACKYGKQNVVQILLQNGASIDFQGKNDVTPLHVATHYNNPSIVELLLKNGSSPN 623

Qy        661 VADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDL-VKDGDTDIQDLLRG 719
              :        :| |  |   ||   |||||||    :: | :|| |  : |: |:  ||
Db        624 LCARNGQCAIHIACKKNYLEIAMQLLQHGADVNIISKSGFSPLHLAAQGGNVDMVQLLLE 683
```

```
Qy        720 DAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADV 779
                 :  ||| |                        ||||:||   :: |:: ||:|||::
Db        684 YGVISAAAKNGL-----------------------TPLHVAAQEGHVLVSQILLEHGANI 720

Qy        780 NAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLL 839
              : : : |  ||| || |||:|:    |: :| :  :    :||||:|||:|   :  |||
Db        721 SERTRNGYTPLHMAAHYGHLDLVKFFIENDADIEMSSNIGYTPLHQAAQQGHIMIINLLL 780

Qy        840 AHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNG----------V 889
               | |:|    ::| | | : |       |       :|       |:|           |
Db        781 RHKANPNALTKDGNTALHIASN------LGYVTVMESLKIVTSTSVINSNIGAIEEKLKV 834

Qy        890 RSPGATADALSSGPSSPSSLSAAS-------SLDNLSGSFSELSSVVSSSGTE----GAS 938
               :|    : | |     |             : |:|  :: :      :: |:      |
Db        835 MTPELMQETLLSDSDDESCDDLLDHNHYKYMATDDLKANYGQDQKNFDTTNTDHDLTDVS 894

Qy        939 SLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMD--IFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGH 996
               | |||:   : |  :      : |  |  :  | |: |  ||      :   | :  |:
Db        895 VLNKKEILPNEMSCIELTE---IGHKPDNVVIARSQVHLGFLVSF---LVDARGGSMRGY 948

Qy        997 RHKLIKGVE-------------RLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQS-- 1041
              ||  :: :              | :  |: :||   :      : ::::|| |  | |
Db        949 RHNGVRIIVPPKACAEPTRITCRYVKPQRVVNPPPLMEGEALVSRILEMSPVDGMFLSPI 1008

Qy       1042 -VEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1100
               :|     |:|:           |   |: | :  | : |  : :  |::  |: |   |
Db       1009 TLEVPHYGTLRK-----------NEREII-ILRSDNGESWREH-NLYKDIIGEDINQTEE 1055

Qy       1101 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIG--GGT 1153
                 ||    |  |: :      | :              |:  | |: ||  |||
Db       1056 ---FHSDRIVR-IVTQNVPHFFAVV--------------SRVRQEVHVIGPDGGT 1092


RESULT 13
T15347
ankyrin-related unc-44 - Caenorhabditis elegans
C;Species: Caenorhabditis elegans
C;Date: 20-Sep-1999 #sequence_revision 20-Sep-1999 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: T15347; T15346; T15344; T15345; A57282; B57282; C57282
R;Gattung, S.
submitted to the EMBL Data Library, February 1996
A;Description: The sequence of C. elegans cosmid B0350.
A;Reference number: Z18332
A;Accession: T15347
A;Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DDBJ
A;Molecule type: DNA
A;Residues: 1-2039 <GAT>
A;Cross-references: UNIPROT:Q17489; UNIPARC:UPI0000077B65; EMBL:U50071; NID:g1208871; PI
A;Accession: T15346
A;Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DDBJ
A;Molecule type: DNA
A;Residues: 1-1000,‘SKLQHRT’,1002-1718,‘KWEELNRL’,1727,‘D’,‘ES’,1942,‘PSPAQRS’,1950,‘IVA
32,‘S’,2034-2035,‘GSPTRRSVEPEEHRHSQHEDHEGST’ <GA2>
A;Cross-references: UNIPARC:UPI0000077BDB; EMBL:U50071; NID:g1208871; PID:g1208875; PIDN
A;Accession: T15344
A;Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DDBJ
A;Molecule type: DNA
A;Residues: 1-1718,‘KW’,1903-1905,‘NRLADESSPS’,1916-1917,‘QRSTIVAESTSEQVPE’,1934-1935,‘E
<GA3>
A;Cross-references: UNIPARC:UPI000007878C; EMBL:U50071; NID:g1208871; PID:g1208874; PIDN
A;Accession: T15345
A;Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DDBJ
A;Molecule type: DNA
A;Residues: 1-1718,‘KWEELNRL’,1727,‘D’,‘ES’,1942,‘PSPAQRS’,1950,‘IVAES’,1956-1957,‘EQVPE
PTRRSVEPEEHRHSQHEDHEGST’ <GA4>
A;Cross-references: UNIPARC:UPI000007D1A6; EMBL:U50071; NID:g1208871; PID:g1208876; PIDN
R;Otsuka, A.J.; Franco, R.; Yang, B.; Shim, K.H.; Tang, L.Z.; Zhang, Y.Y.; Boontrakulpoo
J. Cell Biol. 129, 1081-1092, 1995
A;Title: An ankyrin-related gene (unc-44) is necessary for proper axonal guidance in Cae
A;Reference number: A57282; MUID:95263663; PMID:7744957
A;Accession: A57282
A;Status: preliminary
A;Molecule type: DNA
A;Residues: 1-852,‘GGG’,856-1000,‘SKLQHRT’,1002-1319,‘IG’,1322-1595,‘DA’,1598-1718,‘KWEE
,‘SHRED’,2007-2008,‘TI’,2011,2017,‘TT’,2020-2022,‘SHIS’ <OTS>
A;Cross-references: UNIPARC:UPI000080E35; GB:U21734; NID:g790607; PIDN:AAA85854.1; PID:
A;Accession: B57282
A;Status: preliminary
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 831-852,‘GGG’,856-1319,‘IG’,1322-1595,‘DA’,1598-1718,‘KWEELNRL’,1727,1799,‘E’
V’,1945-1947,‘VT’,1950,‘SH’,1975,‘SESP’,1980-1981,‘SPTRRSVEPEEHRHS’,1984-1985,‘EDHEGS’,1
A;Cross-references: UNIPARC:UPI000017754A; GB:U21731
A;Accession: C57282
A;Status: preliminary
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 194,‘F’,196,‘I’,198,‘DC’,201,‘G’,409,‘AV’,412,‘Q’,414,824,‘S’,826,‘ER’,829,‘
4,‘TIV’,1828,‘ESTS’,1833,‘QV’,1836,‘E’,1934-1935,‘EQS’,1939,‘ESES’,1944,‘REDDGTIVTT’,194
A;Cross-references: UNIPARC:UPI0000076E32; GB:U21732; NID:g790603; PIDN:AAA85853.1; PID:
C;Genetics:
A;Gene: CESP:unc-44
A;Introns: 97/3; 262/2; 535/1; 749/1; 786/3; 883/3; 1001/2; 1045/3; 1660/1; 1719/2; 1979/
C;Superfamily: ankyrin; ankyrin repeat homology
F;164-192/Domain: ankyrin repeat homology <AN04>
F;358-390/Domain: ankyrin repeat homology <AN1>
F;391-423/Domain: ankyrin repeat homology <AN11>

  Query Match             13.3%;  Score 858;  DB 2;  Length 2039;
  Best Local Similarity   26.3%;  Pred. No. 6.5e-44;
  Matches  319;  Conservative  163;  Mismatches  443;  Indels  286;  Gaps   39;

Qy         91 AAEAVEPAARE----LFEACRNGDVERVKRLV-TPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRK 145
              |  | ||   |       | | ||:|:|  |:     :|: :  |  |  || |:  |
Db         22 APAAPEPGRAEGSASFLRAARAGDLEKVLELLRAGTDINTSNANGLNS--LHLASKEGHS 79

Qy        146 DVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEA 205
              :||  |::  | | |    |   || |   | : :| :|: :||: | :    :|||: |
Db         80 EVVRELIKRQAQVDAATRKGNTALHIASLAGQSLIVTILVENGANVNVQSVNGFTPLYMA 139

Qy        206 AIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEE 265
              | :   :|   ||:|||   :   || | | :|                     : |::
Db        140 AQENHEEVVKYLLKHGANQALSTEDGFTPLAVA-------------------LQQGHDR 179

Qy        266 KMMALLTPLNVNCHASDGRKSTP-LHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHN 324
               :  ||       : | |:   | ||:||  :      ||||:  :     |    |||
Db        180 VVAVLLE------NDSKGKVRLPALHIAAKKDDTTAATLLLQNEHNPDVTSKSGFTPLHI 233

Qy        325 ACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHN 384
              |  |||  | :||:: || ||       :||| |    |  : :|||| ||   :::
Db        234 AAHYGHENVGQLLLEKGANVNYQARHNISPLHVATKWGRTNMANLLLSRGA---IIDSRT 290

Qy        385 KSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHC 444
              |  :                                                   | |||
Db        291 KDLL-----------------------------------------------TPLHC 299

Qy        445 AAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVN--A 502
              || | :    |: :||: :|| |: |||  | |||:|::  | |    :: | | |:
Db        300 AARSGH---DQVVDLLVVQGAPISAKTKNGLAPLHMAAQGDHVDAARTLLYHRAPVDDVT 356

Qy        503 LDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNEN----------- 550
              :| |  || ||:|||::  :|||    |||  :| ||| | :  :
Db        357 VDYL--TPLHVAAHCGHVRVAKLLLDRSADPNSRALNGFTPLHIACKKNRIKVVELLLKY 414

Qy        551 ---VQQLLQEGIS-------LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQ 600
                 ::   : |::       :|       ||:     |||||                |
Db        415 RAAIEATTESGLTPLHVAAFMGAINIVIYLLQQGANPDVETV----------------RG 458

Qy        601 STPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVN 660
               |||| ||  |:  ||  |:::|| | |: :    ||| |   |: ::  ||:: ||  |
Db        459 ETPLHLAARANQTDVVRVLIRNGAKVDAQARELQTPLHIASRLGNTDIVILLLQAGANSN 518

Qy        661 VADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLV-KDGDTDIQDLL-- 717
                    ::||| || :|: |:  :|| | || |   : | ||| |  | |: ::  ||
Db        519 ATTRDNYSPLHIAAKEGQEEVAGILLDHNADKTLLTKKGFTPLHLASKYGNLEVVRLLLE 578

Qy        718 RGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHS-TPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHG 776
              ||                            | :|::  ||||:|| ||| :||  ||::|
Db         579 RGTPV-------------------------DIEGKNQVTPLHVAAHYNNDKVAMLLLENG 613

Qy         777 ADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCA 836
               |   |  | |  ||| ||    :::|: |::: |  ||  :  ||||| :||:|  ::
Db         614 ASAKAAAKNGYTPLHIAAKKNQMEIASTLLQFKADPNAKSRAGFTPLHLSAQEGHKEISG 673

Qy         837 LLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADD--------------VSALLTAAMPPSALPSCYK 882
               ||: :|:|   |   | | : | : :|              :::   |   |  : :|:
Db         674 LLIENGSDVGAKANNGLTAMHLCAQEDHVPVAQILYNNGAEINSKTNAGYTPLHV-ACHF 732

Qy         883 PQVLNGVR---SPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASS 939
                | || |:     ||     :    :|   :|    :|      |           |||
Db         733 GQ-LNMVKFLVENGADVGEKTRASYTPLHQAAQQGHNNCVRYLLE----------NGASP 781

Qy         940 LEKKEVPGVDFSITQFVRNLG----LEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGIN--- 992
                |:        || |    ||    :| |  : |   ||    |:  :|      :|
Db         782 NEQTATGQTPLSIAQ---RLGYVSVVETLRTVTETTVITETTTVDERYKPQNPEAMNETM 838

Qy         993 -------AYGHRHKLI------------------KGVERLISGQQGLNPYLTLNTSG--- 1024
                           |: :                   ||  : :|:| |     |   |
Db         839 FSESEDEGQAAEHEAVAAHEKDFSDNLTQGLQDSTGVHMIHTGEQLLQRSQELENGGAIP 898

Qy        1025 ---SGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQS----TVREHRDG--GHAGGIFNRYNILKIQKVC 1075
                  ||     :|| :|||  :     |    |      |    || |  ::    :
Db         899 KINSG----GMSP-EKEFAKIAPVATSSPIATSNSQSFGIAPRAGSISGQFQQQPLHGAG 953

Qy        1076 NKKLWERYTHRRKE--VSEENHNHANERMLFHGS----PFVNAIIHKGF------DERHA 1123
                :   |    | :   ::  |:::    ||  :|     |  : :    |      |  |
Db         954 PEDNLEELVRRAQNHPINAGNYDNGGVAMLENGHADNVPIGHHVTQPSFLISFLVDARGG 1013

Qy        1124 YIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQ 1183
                : |   :|:       |::|           |:             : ||  | |
Db        1014 AMRGCRHSGVRIIVPPRKASQ-----------PIR------------VTCRY-LRKD--- 1046

Qy        1184 FSAMKMAHSPP 1194
                   |:|| ||
Db        1047 ----KLAHPPP 1053


RESULT 14
T42691
hypothetical protein DKFZp434D2328.1 - human (fragment)
C;Species: Homo sapiens (man)
C;Date: 11-Jan-2000 #sequence_revision 11-Jan-2000 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: T42691
R;Bloecker, H.; Boecher, M.; Brandt, P.; Mewes, H.W.; Gassenhuber, J.; Wiemann, S.
submitted to the Protein Sequence Database, November 1999
A;Reference number: Z22230
A;Accession: T42691
A;Status: preliminary
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-791 <AAA>
A;Cross-references: UNIPROT:Q9UFA4; UNIPARC:UPI000006DC92; EMBL:AL133087
A;Experimental source: adult testis; clone DKFZp434D2328
C;Genetics:
A;Note: DKFZp434D2328.1

  Query Match             10.2%;  Score 657;  DB 2;  Length 791;
  Best Local Similarity   28.2%;  Pred. No. 3.2e-32;
  Matches  243;  Conservative  115;  Mismatches  331;  Indels  172;  Gaps   29;

Qy         102 LFEACRNGDVERVKRLVT-PEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQA 160
               |  |  || :  || |:    :::  :  |  :| || |   |:  ||  |:  ||||
Db           7 LHAAASNGQINVVKHLLNLGVEIDEINVYG--NTALHIACYNGQDAVVNELIDYGANVNQ 64

Qy         161 RDDGGLIPLHNACSFGH-AEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQ 219
                :: |  ||| | :  | |  : ||: :||| | :     :|||  |: |:      |:|
Db          65 PNNNGFTPLHFAAASTHGALCLELLVNNGADVNIQSKDGKSPLHMTAVHGRFTRSQTLIQ 124

Qy         220 HGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLT------- 272
               :| |    : || | | :|                    ||  |:|  :  |:|
Db         125 NGGEIDCVDKDGNTPLHVA--------------------ARYGHELLINTLITSGADTAK 164

Qy         273 -------PLN---VNCHA-------SDGRK-------------------STP-------L 289
                      ||:   :| |:       | |:|                    ||       |
Db         165 CGIHSMFPLHLAALNAHSDCCRKLLSSGQKYSIVSLFSNEHVLSAGFEIDTPDKFGRTCL 224

Qy         290 HLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDL 349
               | ||    |: ::||   ||| | |||    ||| | :  |:   | ||  || ||  |
Db         225 HAAAAGGNVECIKLLQSSGADFHKKDKCGRTPLHYAAANCHFHCIETLVTTGANVNETDD 284

Qy         350 WQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL-NCHNKSAIDLAPTPQLKER---LAYEFK 405
               |  | || ||: :             : |:| | |: |  :|    :|||:   |  ||
Db         285 WGRTALHYAAASD----------MDRNKTILGNAHDNSE-ELERARELKEKEATLCLEF- 332

Qy         406 GHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHE----TALHCAAASPYPKRKQICELLL 461
                  |||                   |  :|   :     ::| |||  :   :|  ||||
Db         333 ---LLQ-------------------NDANPSIRDKEGYNSIHYAAAYGH---RQCLELLL 367

Qy         462 RKGANINEKTKEFLT--PLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGH 519
                :  :  |::    |  |||:|:   |:  :||:::    ::  |  |:|:|  ||: ||
Db         368 ERTNSGFEESDSGATKSPLHLAAYNGHHQALEVLLQSLVDLDIRDEKGRTALDLAAFKGH 427

Qy         520 LQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDV 579
                :    |::          || :     |   :  |   :  |::   | ||| |
Db         428 TECVEALIN----------QGASIFVKDNVTKRTPLHASVINGHTLCLRLLLEIAD---- 473

Qy         580 ETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHN 639
                        ::|: :| :|:  |||  |  |  :  |  ||:  |:|   |  |   ||
Db         474 -------NPEAVDVKDAKGQ--TPLMLAVAYGHIDAVSLLLEKEANVDTVDILGCTALHR 524

Qy         640 ACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHG---ADPTKKN 696
                   || |  ::|::    :   |    |||| |||:|       |||      |   |:
Db         525 GIMTGHEECVQMLLEQEVSILCKDSRGRTPLHYAAARGHATWLSELLQMALSEEDCCFKD 584

Qy         697 RDGNTPLD--LVKDGDTDIQDLLR--------GD-------AALLDAAKKGCLARVKKLS 739
                 | |||        :  |: ||         |:       | : |     | : :
Db         585 NQGYTPLHWACYNGNENCIEVLLEQKCFRKFIGNPFTPLHCAIINDHG--NCASLLLGAI 642

Qy         740 SPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHV 799
                   |:||| :||  |||| ||  :::|  : ||:| | ||| |  |   |  ||  |
Db         643 DSSIVSCRDDKGR--TPLHAAAFADHVECLQLLLRHSAPVNAVDNSGKTALMMAAENGQA 700

Qy         800 DVAALLI-KYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTL---KNQEGQTP 855
                   :|:    | :   ||   |||| |  ||  :   |:|    | :|   ||   |||
Db         701 GAVDILVNSAQADLTVKDKDLNTPLHLACSKGHEKCALLILDKIQDESLINEKNNALQTP 760

Qy         856 LDLVSADDVSALLTAAMPPSA 876
               | : : : :  ::   :   |
Db         761 LHVAARNGLKVVVEELLAKGA 781


RESULT 15
H71274
probable ankyrin - syphilis spirochete
C;Species: Treponema pallidum subsp. pallidum (syphilis spirochete)
C;Date: 10-Sep-1999 #sequence_revision 10-Sep-1999 #text_change 09-Jul-2004
C;Accession: H71274
R;Fraser, C.M.; Norris, S.J.; Weinstock, G.M.; White, O.; Sutton, G.G.; Dodson, R.; Gwinr
rson, J.; Khalak, H.; Richardson, D.; Howell, J.K.; Chidambaram, M.; Utterback, T.; McDor
they, L.; Weidman, J.; Smith, H.O.; Venter, J.C.
Science 281, 375-388, 1998
A;Title: Complete genome sequence of Treponema pallidum, the syphilis spirochete.
A;Reference number: A71250; MUID:98332770; PMID:9665876
A;Accession: H71274
A;Status: preliminary; nucleic acid sequence not shown; translation not shown
A;Molecule type: DNA
A;Residues: 1-934 <COL>
A;Cross-references: UNIPROT:O83807; UNIPARC:UPI00000D32A9; GB:AE001254; GB:AE000520; NID:
A;Experimental source: strain Nichols
C;Genetics:
A;Gene: TP0835
C;Superfamily: syphilis spirochete probable ankyrin; ankyrin repeat homology
F;281-313/Domain: ankyrin repeat homology <AN22>

  Query Match              8.7%;  Score 563.5;  DB 1;  Length 934;
```

```
 Best Local Similarity   23.8%;  Pred. No. 2.2e-26;
 Matches  254;  Conservative  159;  Mismatches  373;  Indels  281;  Gaps   36;

Qy          86 ACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRK 145
               :| : :: : : |: :|||    ||:: :|     : || ||  |   | ||   |  |
Db          24 SCTTTSSPSPQ-ASVDLFEMVARGDLDTLKTRFGKDSVNVRDANG--DTLLH--VGVLRN 78

Qy         146 D--VVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLH 203
               |  ||::||  ||: :|:|  |  ||  | :    | | :|:   |   :||    |||
Db          79 DAHVVDFLLSMGADTEAQDASGSTPLMVAVTENCFESVRMLIARDASLFSRDAQGDTPLT 138

Qy         204 EAAIKGKIDVCIV------------------------LLQH----GAEPTIRNTDGRTA 234
                |  ||     :                          |::|    |     |: || |
Db         139 RAIRKGTAHELVTRKTLLQKDKSGKTPWHWAVRALDRDLIKHLVTLGPPTQERDADGHTP 198

Qy         235 LDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR--SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLA 292
               | ||  |:      |   | ||  |    |:  :    :   | : | :||  |||||:
Db         199 LSLAYSSSSDARAAEVAADLLLGGAELMHGSFSEFEIAVLKRNYDLHFTDG--STPLHVM 256

Qy         293 AGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQF 352
               |       || |:    :::||                                 :|
Db         257 AKRGYTGFVQFLVDRKVNLNAK---------------------------------NLSSA 283

Qy         353 TPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDL-APTPQLKERLAYEFKGHSLLQ 411
               ||||||    :|:   |||  |||| : :    : : | || |  : ||       :||
Db         284 TPLHEAVRAGQVDAAVLLLRSGADPNVRDASGNTCLHLVAPAP-FRVRLV-----GALLD 337

Qy         412 AAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKT 471
               |     :                    || || ||       :   | |:  ||:|:|:
Db         338 AGASVAI---------------KDDYGETPLHVAAR--LGMDRAFVERLVGAGADISERN 380

Qy         472 KEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLS--- 528
               |:  ||| :  :: | |:    |   | ::| |  |:| | :|   | |:| :::::
Db         381 KKGETPLVLTIDRDHRDLTAYFVSLGADIHAEDMRGETPLTKALARG-LETVKIVVTDSN 439

Qy         529 ------YGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETV 582
                      | ||  :::     | :    |: | :|          :|::
Db         440 LYKQDVVGRDPLHVAVSRRAHLDI----VKFLFRE---------PKQMI----------- 475

Qy         583 KKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGAD----------------- 625
                          ||  |  :| ||:|   :  :| |:|:: |||
Db         476 ----------ARDTMG--NTLLHYAVANDDRAVGEFLMREGADIFSTNVHGVSPLKTALT 523

Qy         626 --------------VHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLH 671
                             |||:| ||  ||| || :   :    ::: || :   :| : |||
Db         524 TSGGREDWILTAANVHAQDTGGNTPLHLACEWKLTQAINGILRKGAEIEARNLNQETPLF 583

Qy         672 EAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGC 731
                |      |:  :||   |                            |: ||:||
Db         584 SAVKSDAAEVISILLHPQA---------------------------GNPALVDA----- 610

Qy         732 LARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLL-----QHGADVNAQDKGG 786
                              ||  |  :| ||    :: |  |: |:     :| : :||::  |
Db         611 ---------------RDAVG--NTVLHACVRWSALRSADVLIREADARHVSLLNARNLSG 653

Qy         787 LIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPT 846
                 ||| ||  |:||   ||: :   ::  |:   : |: |    : :   :||: ||:|
Db         654 KPPLHLAARAGNVDFIRLLLSHRVALHMGDETGKSALTDAVLADQEESVHMLLSAGANPV 713

Qy         847 LKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSP 906
                ::  |:|||         |:|           |    |:  :|: |    |  |  ::|
Db         714 QQDMYGRTPLH-------EAVL-----------CNSQSVIAALRAAGGNPFARDSYGTTP 755

Qy         907 SSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLE---KKEVPGVDFSITQFVRNLGLEH 963
                ||:     |   |:      ::::|  :| : |     : ||   |        | |
Db         756 LSLALLKG-DTFVGAVVGKDPLLANS--DGQTPLHLAVMENVPVQTF-------RLLLAK 805

Qy         964 LMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIK-GVERLISGQQGLNP---YLT 1019
                  | :|:::    ||    |:  ::        |:|:  |  :  |:   | :|    |:
Db         806 GYPIDKRDRMGSSALVLAIKKDRSDL-------CHELLALGADLFIANNVGESPALLVLS 858

Qy        1020 LNTSGSGTIL-IDLSPDDKEFQSV---------EEEMQSTVREHRDG 1056
                |||   |::   ::  |   :|:         |: :|  :  :| |

Db         859 KNTSILKTLVGFAVNKTDSAGESILHYAAKVADEKTLQGLLAMNRFG 905

Search completed: December 18, 2006, 17:35:54
Job time : 46.1952 secs
```

```
                     GenCore version 5.1.9
          Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.

OM protein - protein search, using sw model

Run on:          December 18, 2006, 17:21:50 ; Search time 248 Seconds
                                              (without alignments)
                                              4625.078 Million cell updates/sec

Title:           US-10-616-101-4
Perfect score:   6464
Sequence:        1 RCSARRGAAGGQGAQRGARV..........AYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240

Scoring table:   BLOSUM62
                 Gapop 10.0 , Gapext 0.5

Searched:        2849598 seqs, 925015592 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      2849598

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       UniProt_7.2:*
                1:  uniprot_sprot:*
                2:  uniprot_trembl:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                                  SUMMARIES
                    %
Result              Query
  No.    Score      Match Length DB  ID                         Description
-------------------------------------------------------------------------------
    1     6108      94.5   1166  1  TNKS2_HUMAN                Q9h2k2 homo sapien
    2   5760.5      89.1   1167  2  Q800E0_CHICK               Q800e0 gallus gall
    3   5103.5      79.0   1327  1  TNKS1_HUMAN                O95271 homo sapien
    4     5098      78.9   1320  2  Q6PFX9_MOUSE               Q6pfx9 mus musculu
    5   5095.5      78.8   1327  2  Q4G0F2_HUMAN               Q4g0f2 homo sapien
    6     5074      78.5   1266  2  Q800D9_CHICK               Q800d9 gallus gall
    7   5010.5      77.5   1303  2  Q5XGK5_XENLA               Q5xgk5 xenopus lae
    8   4875.5      75.4   1212  2  Q4RG97_TETNG               Q4rg97 tetraodon n
    9   4681.5      72.4   1055  2  Q59FX0_HUMAN               Q59fx0 homo sapien
   10   4285.5      66.3    976  2  Q8BX62_MOUSE               Q8bx62 mus musculu
   11   4156.5      64.3   1168  2  Q7PYH8_ANOGA               Q7pyh8 anopheles g
   12     4005      62.0   1181  2  Q9VBP3_DROME               Q9vbp3 drosophila
   13     3997      61.8   1181  2  Q9XZ37_DROME               Q9xz37 drosophila
   14     3324      51.4   1047  2  Q4S372_TETNG               Q4s372 tetraodon n
   15     3066      47.4    601  2  Q8BXH7_MOUSE               Q8bxh7 mus musculu
   16     3013      46.6    589  2  Q3UES3_MOUSE               Q3ues3 m adult mal
   17     2063      31.9    408  2  Q6P537_MOUSE               Q6p537 mus musculu
   18   1944.5      30.1    471  2  Q4FZM0_XENLA               Q4fzm0 xenopus lae
   19      906      14.0   1806  2  Q574D8_RAT                 Q574d8 rattus norv
   20      906      14.0   1984  2  Q574D7_RAT                 Q574d7 rattus norv
   21      904      14.0   1136  2  Q9N180_BOVIN               Q9n180 bos taurus
   22      897      13.9   1861  2  Q7Z3G4_HUMAN               Q7z3g4 homo sapien
   23      895      13.8   1765  2  Q4U258_MOUSE               Q4u258 mus musculu
   24      895      13.8   1961  2  Q4U256_MOUSE               Q4u256 mus musculu
   25      894      13.8   1861  2  Q5CZH9_HUMAN               Q5czh9 homo sapien
   26      893      13.8   1726  2  Q8VC68_MOUSE               Q8vc68 mus musculu
   27    892.5      13.8   4377  1  ANK3_HUMAN                 Q12955 homo sapien
   28      891      13.8   1943  2  Q4U259_MOUSE               Q4u259 mus musculu
   29      889      13.8   1940  2  Q4U257_MOUSE               Q4u257 mus musculu
   30    888.5      13.7   1762  2  O88521_RAT                 O88521 rattus norv
   31    885.5      13.7   2622  2  O70511_RAT                 O70511 rattus norv
```

```
   32      882      13.6   4372  2  Q5VXD5_HUMAN               Q5vxd5 homo sapien
   33    880.5      13.6   1863  2  Q7Z3L5_HUMAN               Q7z3l5 homo sapien
   34      880      13.6   1856  2  Q99407_HUMAN               Q99407 homo sapien
   35    878.5      13.6   1719  2  Q13768_HUMAN               Q13768 homo sapien
   36    878.5      13.6   1880  1  ANK1_HUMAN                 P16157 homo sapien
   37      877      13.6   1899  2  Q59FP2_HUMAN               Q59fp2 homo sapien
   38      877      13.6   3924  1  ANK2_HUMAN                 Q01484 homo sapien
   39      876      13.6   1848  2  Q61302_MOUSE               Q61302 mus musculu
   40      876      13.6   1878  2  Q3UH42_MOUSE               Q3uh42 mus musculu
   41      876      13.6   1907  2  Q3UHP2_MOUSE               Q3uhp2 mus musculu
   42      876      13.6   1950  2  Q4RT14_TETNG               Q4rt14 tetraodon n
   43    875.5      13.5   4408  2  Q4RNF0_TETNG               Q4rnf0 tetraodon n
   44      874      13.5   1862  1  ANK1_MOUSE                 Q02357 mus musculu
   45      872      13.5   1219  2  Q8C8R3_MOUSE               Q8c8r3 mus musculu

                                  ALIGNMENTS

RESULT 1
TNKS2_HUMAN
ID   TNKS2_HUMAN     STANDARD;      PRT;  1166 AA.
AC   Q9H2K2; Q9H8F2; Q9HAS4;
DT   27-MAR-2002, integrated into UniProtKB/Swiss-Prot.
DT   01-MAR-2001, sequence version 1.
DT   07-MAR-2006, entry version 41.
DE   Tankyrase 2 (EC 2.4.2.30) (TANK2) (Tankyrase II) (TNKS-2) (TRF1-
DE   interacting ankyrin-related ADP-ribose polymerase 2) (Tankyrase-like
DE   protein) (Tankyrase-related protein).
GN   Name=TNKS2; Synonyms=PARP5B, TANK2, TNKL;
OS   Homo sapiens (Human).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini; Hominidae;
OC   Homo.
OX   NCBI_TaxID=9606;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   TISSUE=Fetal brain;
RX   MEDLINE=21072550; PubMed=11205898;
RA   Monz D., Munnia A., Comtesse N., Fischer U., Steudel W.-I., Feiden W.,
RA   Glass B., Meese E.U.;
RT   "Novel tankyrase-related gene detected with meningioma-specific
RT   sera.";
RL   Clin. Cancer Res. 7:113-119(2001).
RN   [2]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   TISSUE=Mammary carcinoma;
RX   MEDLINE=21190090; PubMed=11294570; DOI=10.1038/sj.gene.6363722;
RA   Kuimov A.N., Kuprash D.V., Petrov V.N., Vdovichenko K.K.,
RA   Scanlan M.J., Jongeneel C.V., Lagarkova M.A., Nedospasov S.A.;
RT   "Cloning and characterization of TNKL, a member of tankyrase gene
RT   family.";
RL   Genes Immun. 2:52-55(2001).
RN   [3]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE, AND SUBCELLULAR LOCATION.
RC   TISSUE=Liver;
RX   MEDLINE=21264473; PubMed=11278563; DOI=10.1074/jbc.M009756200;
RA   Lyons R.J., Deane R., Lynch D.K., Ye Z.-S.J., Sanderson G.M.,
RA   Eyre H.J., Sutherland G.R., Daly R.J.;
RT   "Identification of a novel human tankyrase through its interaction
RT   with the adaptor protein Grb14.";
RL   J. Biol. Chem. 276:17172-17180(2001).
RN   [4]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE, AND SUBCELLULAR LOCATION.
RC   TISSUE=Placenta;
RX   MEDLINE=21443728; PubMed=11454873; DOI=10.1074/jbc.M105968200;
RA   Kaminker P.G., Kim S.-H., Taylor R.D., Zebarjadian Y., Funk W.D.,
RA   Morin G.B., Yaswen P., Campisi J.;
RT   "TANK2, a new TRF1-associated poly(ADP-ribose) polymerase, causes
RT   rapid induction of cell death upon overexpression.";
RL   J. Biol. Chem. 276:35891-35899(2001).
RN   [5]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE, FUNCTION, AND INTERACTIONS WITH TRF1 AND
RP   LNPEP/OTASE.
RC   TISSUE=Skeletal muscle;
RX   MEDLINE=21661461; PubMed=11802774; DOI=10.1042/0264-6021:3610451;
RA   Sbodio J.I., Lodish H.F., Chi N.-W.;
RT   "Tankyrase-2 oligomerizes with tankyrase-1 and binds to both TRF1
RT   (telomere-repeat-binding factor 1) and IRAP (insulin-responsive
RT   aminopeptidase).";
RL   Biochem. J. 361:451-459(2002).
RN   [6]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RA   Yin Y., Gelmann E.P.;
RL   Submitted (OCT-2001) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
RN   [7]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE [LARGE SCALE GENOMIC DNA].
RX   PubMed=15164054; DOI=10.1038/nature02462;
RA   Deloukas P., Earthrowl M.E., Grafham D.V., Rubenfield M., French L.,
RA   Steward C.A., Sims S.K., Jones M.C., Searle S., Scott C., Howe K.,
RA   Hunt S.E., Andrews T.D., Gilbert J.G.R., Swarbreck D., Ashurst J.L.,
RA   Taylor A., Battles J., Bird C.P., Ainscough R., Almeida J.P.,
RA   Ashwell R.I.S., Ambrose K.D., Babbage A.K., Bagguley C.L., Bailey J.,
RA   Banerjee R., Bates K., Beasley H., Bray-Allen S., Brown A.J.,
RA   Brown J.Y., Burford D.C., Burrill W., Burton J., Cahill P., Camire D.,
RA   Carter N.P., Chapman J.C., Clark S.Y., Clarke G., Clee C.M., Clegg S.,
RA   Corby N., Coulson A., Dhami P., Dutta I., Dunn M., Faulkner L.,
RA   Frankish A., Frankland J.A., Garner P., Garnett J., Gribble S.,
RA   Griffiths C., Grocock R., Gustafson E., Hammond S., Harley J.L.,
RA   Hart E., Heath P.D., Ho T.P., Hopkins B., Horne J., Howden P.J.,
RA   Huckle E., Hynds C., Johnson C., Johnson D., Kana A., Kay M.,
RA   Kimberley A.M., Kershaw J.K., Kokkinaki M., Laird G.K., Lawlor S.,
RA   Lee H.M., Leongamornlert D.A., Laird G., Lloyd C., Lloyd D.M.,
RA   Loveland J., Lovell J., McLaren S., McLay K.E., McMurray A.,
RA   Mashreghi-Mohammadi M., Matthews L., Milne S., Nickerson T.,
RA   Nguyen M., Overton-Larty E., Palmer S.A., Pearce A.V., Peck A.I.,
RA   Pelan S., Phillimore B., Porter K., Rice C.M., Rogosin A., Ross M.T.,
RA   Sarafidou T., Sehra H.K., Shownkeen R., Skuce C.D., Smith M.,
RA   Standring L., Sycamore N., Tester J., Thorpe A., Torcasso W.,
RA   Tracey A., Tromans A., Tsolas J., Wall M., Walsh J., Wang H.,
RA   Weinstock K., West A.P., Willey D.L., Whitehead S.L., Wilming L.,
RA   Wray P.W., Young L., Chen Y., Lovering R.C., Moschonas N.K.,
RA   Siebert R., Fechtel K., Bentley D., Durbin R., Hubbard T.,
RA   Doucette-Stamm L., Beck S., Smith D.R., Rogers J.;
RT   "The DNA sequence and comparative analysis of human chromosome 10.";
RL   Nature 429:375-381(2004).
RN   [8]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE [LARGE SCALE MRNA] OF 838-1151.
RC   TISSUE=Placenta;
RX   PubMed=14702039; DOI=10.1038/ng1285;
RA   Ota T., Suzuki Y., Nishikawa T., Otsuki T., Sugiyama T., Irie R.,
RA   Wakamatsu A., Hayashi K., Sato H., Nagai K., Kimura K., Makita H.,
RA   Sekine M., Obayashi M., Nishi T., Shibahara T., Tanaka T., Ishii S.,
RA   Yamamoto J., Saito K., Kawai Y., Isono Y., Nakamura Y., Nagahari K.,
RA   Murakami K., Yasuda T., Iwayanagi T., Wagatsuma M., Shiratori A.,
RA   Sudo H., Hosoiri T., Kaku Y., Kodaira H., Kondo H., Sugawara M.,
RA   Takahashi M., Kanda K., Yokoi T., Furuya T., Kikkawa E., Omura Y.,
RA   Abe K., Kamihara K., Katsuta N., Sato K., Tanikawa M., Yamazaki M.,
RA   Ninomiya K., Ishibashi T., Yamashita H., Murakawa K., Fujimori K.,
RA   Tanai H., Kimata M., Watanabe M., Hiraoka S., Chiba Y., Ishida S.,
RA   Ono Y., Takiguchi S., Watanabe S., Yosida M., Hotuta T., Kusano J.,
RA   Kanehori K., Takahashi-Fujii A., Hara H., Tanase T.-O., Nomura Y.,
RA   Togiya S., Komai F., Hara R., Takeuchi K., Arita M., Imose N.,
RA   Musashino K., Yuuki H., Oshima A., Sasaki N., Aotsuka S.,
RA   Yoshikawa Y., Matsunawa H., Ichihara T., Shiohata N., Sano S.,
RA   Moriya S., Momiyama H., Satoh N., Takami S., Terashima Y., Suzuki O.,
RA   Nakagawa S., Senoh A., Mizoguchi H., Goto Y., Shimizu F., Wakebe H.,
RA   Hishigaki H., Watanabe T., Sugiyama A., Takemoto M., Kawakami B.,
RA   Yamazaki M., Watanabe K., Kumagai A., Itakura S., Fukuzumi Y.,
RA   Fujimori Y., Komiyama M., Tashiro H., Tanigami A., Fujiwara T.,
RA   Ono T., Yamada K., Fujii Y., Ozaki K., Hirao M., Ohmori Y.,
RA   Kawabata A., Hikiji T., Kobatake N., Inagaki H., Ikema Y., Okamoto S.,
RA   Okitani R., Kawakami T., Noguchi S., Itoh T., Shigeta K., Senba T.,
RA   Matsumura K., Nakajima Y., Mizuno T., Morinaga M., Sasaki M.,
RA   Togashi T., Oyama M., Hata H., Watanabe M., Komatsu T.,
RA   Mizushima-Sugano J., Satoh T., Shirai Y., Takahashi Y., Nakagawa K.,
```

```
RA   Okumura K., Nagase T., Nomura N., Kikuchi H., Masuho Y., Yamashita R.,
RA   Nakai K., Yada T., Nakamura Y., Ohara O., Isogai T., Sugano S.;
RT   "Complete sequencing and characterization of 21,243 full-length human
RT   cDNAs.";
RL   Nat. Genet. 36:40-45(2004).
RN   [9]
RP   FUNCTION, AND ADP-RIBOSYLATION.
RX   MEDLINE=21602874; PubMed=11739745; DOI=10.1128/MCB.22.1.332-342.2002;
RA   Cook B.D., Dynek J.N., Chang W., Shostak G., Smith S.;
RT   "Role for the related poly(ADP-Ribose) polymerases tankyrase 1 and 2
RT   at human telomeres.";
RL   Mol. Cell. Biol. 22:332-342(2002).
CC   -!- FUNCTION: May regulate vesicle trafficking and modulate the
CC       subcellular distribution of SLC2A4/GLUT4-vesicles. Has PARP
CC       activity and can modify TRF1, and thereby contribute to the
CC       regulation of telomere length.
CC   -!- CATALYTIC ACTIVITY: NAD(+) + (ADP-D-ribosyl)(n)-acceptor =
CC       nicotinamide + (ADP-D-ribosyl)(n+1)-acceptor.
CC   -!- SUBUNIT: Oligomerizes and associates with TNKS. Interacts with the
CC       cytoplasmic domain of LNPEP/Otase in SLC2A4/GLUT4-vesicles. Binds
CC       to the N-terminus of Grb14 and TRF1 with its ankyrin repeat
CC       region.
CC   -!- SUBCELLULAR LOCATION: Cytoplasmic, associated with the Golgi and
CC       with juxtanuclear SLC2A4/GLUT4-vesicles. Also found around the
CC       pericentriolar matrix of mitotic centromeres. During interphase, a
CC       small fraction of TNKS2 is found in the nucleus, associated with
CC       TRF1.
CC   -!- TISSUE SPECIFICITY: Highly expressed in placenta, skeletal muscle,
CC       liver, brain, kidney, heart, thymus, spinal cord, lung, peripheral
CC       blood leukocytes, pancreas, lymph nodes, spleen, prostate, testis,
CC       ovary, small intestine, colon, mammary gland, breast and breast
CC       carcinoma, and in common-type meningioma. Highly expressed in
CC       fetal liver, heart and brain.
CC   -!- PTM: ADP-ribosylated (-auto).
CC   -!- SIMILARITY: Contains 15 ANK repeats.
CC   -!- SIMILARITY: Contains 1 PARP catalytic domain.
CC   -!- SIMILARITY: Contains 1 SAM (sterile alpha motif) domain.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; AF305081; AAG25674.1; ALT_INIT; mRNA.
DR   EMBL; AF264912; AAG44694.1; -; mRNA.
DR   EMBL; AF329696; AAK13463.1; -; mRNA.
DR   EMBL; AF342982; AAK25811.1; -; mRNA.
DR   EMBL; AF309033; AAK82330.1; -; mRNA.
DR   EMBL; AF438201; AAL40795.1; -; mRNA.
DR   EMBL; AL359707; CAC78760.1; -; Genomic_DNA.
DR   EMBL; AK023746; BAB14665.1; ALT_INIT; mRNA.
DR   HSSP; P16157; 1N11.
DR   Ensembl; ENSG00000107854; Homo sapiens.
DR   HGNC; HGNC:15677; TNKS2.
DR   MIM; 607128; gene.
DR   InterPro; IPR001290; PARP.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   InterPro; IPR011510; SAM_2.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 17.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   SMART; SM00248; ANK; 15.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 15.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ADP-ribosylation; ANK repeat; Chromosomal protein;
KW   Glycosyltransferase; Golgi stack; NAD; Nuclear protein; Repeat;
KW   Telomere; Transferase.
FT   CHAIN         1   1166       Tankyrase 2.
FT                                /FTId=PRO_0000211334.
FT   REPEAT       57     89       ANK 1.
FT   REPEAT       90    122       ANK 2.
FT   REPEAT      123    155       ANK 3.
FT   REPEAT      210    242       ANK 4.

  Query Match             94.5%;  Score 6108;  DB 1;  Length 1166;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1166;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy           75 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 134
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            1 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 60

Qy          135 PLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 194
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           61 PLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 120

Qy          195 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 254
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          121 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 180

Qy          255 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 314
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          181 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 240

Qy          315 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 374
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          241 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 300

Qy          375 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 434
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          301 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 360

Qy          435 PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVV 494
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          361 PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVV 420

Qy          495 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 554
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          421 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 480

Qy          555 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 614
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          481 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 540

Qy          615 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 674
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          541 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 600

Qy          675 AKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLAR 734
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          601 AKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLAR 660

Qy          735 VKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAA 794
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          661 VKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAA 720

Qy          795 SYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQT 854
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          721 SYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQT 780

Qy          855 PLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASS 914
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          781 PLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASS 840

Qy          915 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQIT 974
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          841 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQIT 900

Qy          975 LDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP 1034
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          901 LDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP 960

Qy         1035 DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEEN 1094
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          961 DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEEN 1020

Qy         1095 HNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1154
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1021 HNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1080

Qy         1155 CPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYV 1214
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1081 CPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYV 1140

Qy         1215 IYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
                ||||||||||||||||||||||||||
Db         1141 IYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1166


RESULT 2
Q800E0_CHICK
ID   Q800E0_CHICK   PRELIMINARY;   PRT;  1167 AA.
AC   Q800E0;
DT   01-JUN-2003, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   01-JUN-2003, sequence version 1.
DT   07-FEB-2006, entry version 14.
DE   Tankyrase 2.
OS   Gallus gallus (Chicken).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Archosauria; Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae; Phasianinae;
OC   Gallus.
OX   NCBI_TaxID=9031;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RX   MEDLINE=22615216; PubMed=12589701; DOI=10.1042/BJ20021450;
RA   De Rycker M., Venkatesan R.N., Wei C., Price C.M.;
RT   "Vertebrate tankyrase domain structure and sterile alpha motif (SAM)-
RT   mediated multimerization.";
RL   Biochem. J. 372:87-96(2003).
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; AY142107; AAN41650.1; -; mRNA.
DR   HSSP; Q00420; 1AWC.
DR   Ensembl; ENSGALG00000011438; Gallus gallus.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   InterPro; IPR001290; PARP.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   InterPro; IPR011510; SAM_2.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 19.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 15.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 15.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ANK repeat; Repeat.
SQ   SEQUENCE   1167 AA;  126932 MW;  7842BF482B9229E9 CRC64;

  Query Match             89.1%;  Score 5760.5;  DB 2;  Length 1167;
  Best Local Similarity   93.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 1095;  Conservative   33;  Mismatches   36;  Indels    3;  Gaps    2;

Qy           75 MSGRRCAGGGAACASA--AAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRK 132
                |: |||||| || | |     |||| |||||||||||||||||||| || ||||||||||
Db            1 MAARRCAGGAAALAEAPGCGSAVEP-ARELFEACRNGDVERVKRLVRPENVNSRDTAGRK 59

Qy          133 STPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPN 192
                |:|||||||||||||||||||:|||| ||||||||||||||||||||||||||||||:||
Db           60 SSPLHFAAGFGRKDVVEYLLQSGANVHARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGANPN 119

Qy          193 ARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKK 252
                |||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          120 ARDNWNYTPLHEAAIKGKTDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKK 179

Qy          253 DELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVH 312
                ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          180 DELLESARSGNEEKMMSLLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVH 239

Qy          313 AKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLS 372
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          240 AKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLS 299

Qy          373 YGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNF 432
                |||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||:|| ||||||||| |||
Db          300 YGADPTLLNCHNKSTIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAARESDVARIKKHLSLETVNF 359

Qy          433 KHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEV 492
                |||||||||||||||||||||||:||||||||||||||||:|||||||||||||||||||
Db          360 KHPQTHETALHCAAASPYPKRKQVCELLLRKGANINEKTKDFLTPLHVASEKAHNDVVEV 419

Qy          493 VVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQ 552
                |||||||||||||||||||||||:|||||||||||| ||||:|:|||||||||||||:||
Db          420 VVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAHCGHLQTCRLLLSSGCDPSIVSLQGFTALQMGNESVQ 479

Qy          553 QLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNR 612
                ||||||| ||||:||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          480 QLLQEGIPLGNSDADRQLLEAAKAGDVDTVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNR 539

Qy          613 VSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHE 672
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          540 VSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHE 599

Qy          673 AAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCL 732
                |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          600 AAAKGKYEICKLLLQHGADPPKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCL 659

Qy          733 ARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHN 792
                |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          660 ARVKKLCSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHN 719

Qy          793 AASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEG 852
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          720 AASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEG 779

Qy          853 QTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAA 912
                |||||||:|||||||||||||||||||||||||::  ::  :||| ||| ||||||||||
Db          780 QTPLDLVTADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVISVSQTASSTADPLSSVPSSPSSLSAA 839

Qy          913 SSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQ 972
                ||||||||||||| ||| ::  |||: |||||| |||||| |||||||||||:|||||||
Db          840 SSLDNLSGSFSELPSVVGTNSAEGATVLEKKEVSGVDFSINQFVRNLGLEHLIDIFEREQ 899

Qy          973 ITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDL 1032
                |||||||||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||| |||:||||
Db          900 ITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKIIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSSSGTLLIDL 959

Qy         1033 SPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSE 1092
                | :||||||||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||
Db          960 SSEDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGVFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSE 1019

Qy         1093 ENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGG 1152
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1020 ENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGG 1079

Qy         1153 TGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAE 1212
                ||||:|||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1080 TGCPIHKDRSCYVCHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAE 1139

Qy         1213 YVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVD 1239
                |||||||||||||||||||::||   :
Db         1140 YVIYRGEQAYPEYLITYQIVKPEATTE 1166
```

```
RESULT 3
TNKS1_HUMAN
ID   TNKS1_HUMAN    STANDARD;      PRT;  1327 AA.
AC   O95271; O95272;
DT   27-MAR-2002, integrated into UniProtKB/Swiss-Prot.
DT   01-MAY-1999, sequence version 1.
DT   07-MAR-2006, entry version 45.
DE   Tankyrase 1 (EC 2.4.2.30) (TANK1) (Tankyrase I) (TNKS-1) (TRF1-
DE   interacting ankyrin-related ADP-ribose polymerase).
GN   Name=TNKS; Synonyms=PARP5A, PARPL, TIN1, TINF1, TNKS1;
OS   Homo sapiens (Human).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini; Hominidae;
OC   Homo.
OX   NCBI_TaxID=9606;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE [MRNA] (ISOFORMS 1 AND 2).
RC   TISSUE=Testis;
RX   MEDLINE=99040105; PubMed=9822378; DOI=10.1126/science.282.5393.1484;
RA   Smith S., Giriat I., Schmitt A., de Lange T.;
RT   "Tankyrase, a poly(ADP-ribose) polymerase at human telomeres.";
RL   Science 282:1484-1487(1998).
RN   [2]
RP   SUBCELLULAR LOCATION.
RX   MEDLINE=99454782; PubMed=10523501;
RA   Smith S., de Lange T.;
RT   "Cell cycle dependent localization of the telomeric PARP, tankyrase,
RT   to nuclear pore complexes and centrosomes.";
RL   J. Cell Sci. 112:3649-3656(1999).
RN   [3]
RP   FUNCTION, AND PHOSPHORYLATION.
RX   MEDLINE=20556282; PubMed=10988299; DOI=10.1074/jbc.M007635200;
RA   Chi N.-W., Lodish H.F.;
RT   "Tankyrase is a Golgi-associated mitogen-activated protein kinase
RT   substrate that interacts with IRAP in GLUT4 vesicles.";
RL   J. Biol. Chem. 275:38437-38444(2000).
RN   [4]
RP   FUNCTION, AND MUTAGENESIS OF HIS-1184 AND GLU-1291.
RX   MEDLINE=21602874; PubMed=11739745; DOI=10.1128/MCB.22.1.332-342.2002;
RA   Cook B.D., Dynek J.N., Chang W., Shostak G., Smith S.;
RT   "Role for the related poly(ADP-Ribose) polymerases tankyrase 1 and 2
RT   at human telomeres.";
RL   Mol. Cell. Biol. 22:332-342(2002).
RN   [5]
RP   IDENTIFICATION IN A COMPLEX WITH POT1; TERF1 AND TINF2.
RX   MEDLINE=22711258; PubMed=12768206; DOI=10.1038/nature01688;
RA   Loayza D., De Lange T.;
RT   "POT1 as a terminal transducer of TRF1 telomere length control.";
RL   Nature 424:1013-1018(2003).
CC   -!- FUNCTION: May regulate vesicle trafficking and modulate the
CC       subcellular distribution of SLC2A4/GLUT4-vesicles. Has PARP
CC       activity and can modify TERF1, and thereby contribute to the
CC       regulation of telomere length.
CC   -!- CATALYTIC ACTIVITY: NAD(+) + (ADP-D-ribosyl)(n)-acceptor =
CC       nicotinamide + (ADP-D-ribosyl)(n+1)-acceptor.
CC   -!- SUBUNIT: Oligomerizes and associates with TNKS2. Interacts with
CC       the cytoplasmic domain of LNPEP/Otase in SLC2A4/GLUT4-vesicles.
CC       Binds to the N-terminus of telomeric TERF1 via the ANK repeats.
CC       Found in a complex with POT1; TERF1 and TINF2.
CC   -!- SUBCELLULAR LOCATION: Cytoplasmic, associated with the Golgi and
CC       with juxtanuclear SLC2A4/GLUT4-vesicles. A minor proportion is
CC       also found at nuclear pore complexes and around the pericentriolar
CC       matrix of mitotic centromeres. During interphase, a small fraction
CC       of TNKS is found in the nucleus, associated with TERF1.
CC   -!- ALTERNATIVE PRODUCTS:
CC       Event=Alternative splicing; Named isoforms=2;
CC       Name=1;
CC         IsoId=O95271-1; Sequence=Displayed;
CC       Name=2;
CC         IsoId=O95271-2; Sequence=VSP_004538, VSP_004539;
CC         Note=No experimental confirmation available;
CC   -!- TISSUE SPECIFICITY: Ubiquitous; highest levels in testis.
CC   -!- PTM: Phosphorylated on serine residues by MAPK kinases upon
CC       insulin stimulation.
CC   -!- PTM: ADP-ribosylated (-auto).
CC   -!- SIMILARITY: Contains 15 ANK repeats.
CC   -!- SIMILARITY: Contains 1 PARP catalytic domain.
CC   -!- SIMILARITY: Contains 1 SAM (sterile alpha motif) domain.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; AF082556; AAC79841.1; -; mRNA.
DR   EMBL; AF082557; AAC79842.1; -; mRNA.
DR   EMBL; AF082558; AAC79843.1; -; mRNA.
DR   EMBL; AF082559; AAC79844.1; -; mRNA.
DR   HSSP; P16157; 1N11.
DR   Ensembl; ENSG00000173273; Homo sapiens.
DR   HGNC; HGNC:11941; TNKS.
DR   MIM; 603303; gene.
DR   GO; GO:0000781; C:chromosome, telomeric region; IDA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IDA.
DR   GO; GO:0005515; F:protein binding; IPI.
DR   GO; GO:0007004; P:telomerase-dependent telomere maintenance; NAS.
DR   InterPro; IPR001290; PARP.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   InterPro; IPR011510; SAM_2.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 19.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   SMART; SM00248; ANK; 15.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 15.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ADP-ribosylation; Alternative splicing; ANK repeat;
KW   Chromosomal protein; Glycosyltransferase; Golgi stack; NAD;
KW   Nuclear protein; Phosphorylation; Repeat; Telomere; Transferase.
FT   CHAIN         1   1327       Tankyrase 1.
FT                                /FTId=PRO_0000211333.
FT   REPEAT      215    247       ANK 1.
FT   REPEAT      248    280       ANK 2.
FT   REPEAT      281    313       ANK 3.
FT   REPEAT      368    400       ANK 4.
FT   REPEAT      401    433       ANK 5.
FT   REPEAT      434    466       ANK 6.
FT   REPEAT      521    556       ANK 7.
FT   REPEAT      557    589       ANK 8.
FT   REPEAT      590    622       ANK 9.
FT   REPEAT      683    715       ANK 10.
FT   REPEAT      716    748       ANK 11.
FT   REPEAT      749    781       ANK 12.
FT   REPEAT      836    868       ANK 13.
FT   REPEAT      869    901       ANK 14.
FT   REPEAT      902    934       ANK 15.
FT   DOMAIN     1030   1089       SAM.
FT   DOMAIN     1112   1317       PARP catalytic.
FT   COMPBIAS      9     14       Poly-His.
FT   COMPBIAS     27     34       Poly-Pro.
FT   COMPBIAS    128    134       Poly-Ser.
FT   COMPBIAS    137    145       Poly-Ser.
FT   VARSPLIC    641    643       EST -> GHS (in isoform 2).
FT                                /FTId=VSP_004538.
FT   VARSPLIC    644   1327       Missing (in isoform 2).
FT                                /FTId=VSP_004539.
FT   MUTAGEN    1184   1184       H->A: Loss of activity; when associated
FT                                with A-1291.
FT   MUTAGEN    1291   1291       E->A: Loss of activity; when associated
FT                                with A-1184.
SQ   SEQUENCE   1327 AA;  142011 MW;  E14DE985C710B957 CRC64;

  Query Match             79.0%;  Score 5103.5;  DB 1;  Length 1327;
```

```
  Best Local Similarity   79.2%;  Pred. No. 1.7e-291;
  Matches  963;  Conservative  110;  Mismatches  128;  Indels   15;  Gaps    3;

Qy         22 AAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLLRLLALLLAVAAARIMSGRRCA 81
              :| | ||:|  :||  : : |:|     :   : ||      : |     |  :|
Db        112 SAAGVAPNPAGSGSNNSPSSSSSPTSSSSSSPSSPG------SSLAESPEAAGVSSTAPL 165

Qy         82 GGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAG 141
              | |||       ||  | ||| |||||||| ||||||    ||::| |||||:|||||||
Db        166 GPGAAGPGTGVPAVSGALRELLEACRNGDVSRVKRLVDAANVNAKDMAGRKSSPLHFAAG 225

Qy        142 FGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTP 201
              ||||||||:||| |||| ||||||||||||||||||||||:|||  ||||||||||||||
Db        226 FGRKDVVEHLLQMGANVHARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVSLLLCQGADPNARDNWNYTP 285

Qy        202 LHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARS 261
              |||||||||||||||||||||:| ||||||::||||||||||||||||||||||||:|||
Db        286 LHEAAIKGKIDVCIVLLQHGADPNIRNTDGKSALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLEAARS 345

Qy        262 GNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVP 321
              |||||:|||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||| |||
Db        346 GNEEKLMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQHGADVHAKDKGGLVP 405

Qy        322 LHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLN 381
              ||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||:|
Db        406 LHNACSYGHYEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSHGADPTLVN 465

Qy        382 CHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETA 441
              || |||:|:||||:|:||| ||||||||||||||||: ::|| |:||::||| ||:||||
Db        466 CHGKSAVDMAPTPELRERLTYEFKGHSLLQAAREADLAKVKKTLALEIINFKQPQSHETA 525

Qy        442 LHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVN 501
              |||| || :|||||: |||||||||:||| |:|:||||||:|:|||||:||: || ||:|
Db        526 LHCAVASLHPKRKQVTELLLRKGANVNEKNKDFMTPLHVAAERAHNDVMEVLHKHGAKMN 585

Qy        502 ALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISL 561
              ||| ||||:|||||  ||||||||||||| ||:||||||||| ||||| |||:| |   :
Db        586 ALDTLGQTALHRAALAGHLQTCRLLLSYGSDPSIISLQGFTAAQMGNEAVQQILSESTPI 645

Qy        562 GNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQ 621
                |: | :||||:||||:||||:||: |:|||||:||| ||||||||||||||||||||
Db        646 RTSDVDYRLLEASKAGDLETVKQLCSSQNVNCRDLEGRHSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLH 705

Qy        622 HGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEI 681
              ||||||||||||||||||||||||||||||||:||| |||||||||||||||||||||||
Db        706 HGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEI 765

Qy        682 CKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSP 741
              |||||:||||||||||||||||||||:|||||||||:|||||||||||||||||:|| :|
Db        766 CKLLLKHGADPTKKNRDGNTPLDLVKEGDTDIQDLLKGDAALLDAAKKGCLARVQKLCTP 825

Qy        742 DNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDV 801
              :|:||||||||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||:
Db        826 ENINCRDTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDI 885

Qy        802 AALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSA 861
              |||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||| :|
Db        886 AALLIKYNTCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTMKNQEGQTPLDLATA 945

Qy        862 DDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGS 921
              ||: |||  |||| |||:|:|||           : :| |  |:|| ||||||:|||:|
Db        946 DDIRALLIDAMPPEALPTCFKPQAT-------VVSASLISPASTPSCLSAASSIDNLTGP 998

Qy        922 FSELSSVVSSSGTEGASSLEKK--EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLV 979
               :||:   :|:  :||:  |:|  || |:| :|:||:::|||||| |||| ||||||||
Db        999 LAELAVGGASNAGDGAAGTERKEGEVAGLDMNISQFLKSLGLEHLRDIFETEQITLDVLA 1058

Qy        980 EMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEF 1039
              :|||:|||||||||||||||||||||||: |||| ||||| :    ||||:||:|:|||:
Db       1059 DMGHEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQGTNPYLTFHCVNQGTILLDLAPEDKEY 1118

Qy       1040 QSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHAN 1099
              ||||||||||:|||||||:|||||||||:::|||| |||| ||: ||:|||||||||| |
Db   1119 QSVEEEMQSTIREHRDGGNAGGIFNRYNVIRIQKVVNKKLRERFCHRQKEVSEENHNHHN 1178

Qy   1100 ERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHK 1159
          ||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Db   1179 ERMLFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPTHK 1238

Qy   1160 DRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGE 1219
          ||||||||||:||||||||||||||| |||||:||||||| ||||||||| |||||||||
Db   1239 DRSCYICHRQMLFCRVTLGKSFLQFSTMKMAHAPPGHHSVIGRPSVNGLAYAEYVIYRGE 1298

Qy   1220 QAYPEYLITYQIMRPE 1235
          |||||||||||||:||
Db   1299 QAYPEYLITYQIMKPE 1314


RESULT 4
Q6PFX9_MOUSE
ID   Q6PFX9_MOUSE   PRELIMINARY;   PRT;  1320 AA.
AC   Q6PFX9;
DT   05-JUL-2004, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   05-JUL-2004, sequence version 1.
DT   07-FEB-2006, entry version 15.
DE   Tnks protein.
GN   Name=Tnks;
OS   Mus musculus (Mouse).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia; Sciurognathi;
OC   Muroidea; Muridae; Murinae; Mus.
OX   NCBI_TaxID=10090;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6; TISSUE=Brain;
RX   MEDLINE=22388257; PubMed=12477932; DOI=10.1073/pnas.242603899;
RA   Strausberg R.L., Feingold E.A., Grouse L.H., Derge J.G.,
RA   Klausner R.D., Collins F.S., Wagner L., Shenmen C.M., Schuler G.D.,
RA   Altschul S.F., Zeeberg B., Buetow K.H., Schaefer C.F., Bhat N.K.,
RA   Hopkins R.F., Jordan H., Moore T., Max S.I., Wang J., Hsieh F.,
RA   Diatchenko L., Marusina K., Farmer A.A., Rubin G.M., Hong L.,
RA   Stapleton M., Soares M.B., Bonaldo M.F., Casavant T.L., Scheetz T.E.,
RA   Brownstein M.J., Usdin T.B., Toshiyuki S., Carninci P., Prange C.,
RA   Raha S.S., Loquellano N.A., Peters G.J., Abramson R.D., Mullahy S.J.,
RA   Bosak S.A., McEwan P.J., McKernan K.J., Malek J.A., Gunaratne P.H.,
RA   Richards S., Worley K.C., Hale S., Garcia A.M., Gay L.J., Hulyk S.W.,
RA   Villalon D.K., Muzny D.M., Sodergren E.J., Lu X., Gibbs R.A.,
RA   Fahey J., Helton E., Ketteman M., Madan A., Rodrigues S., Sanchez A.,
RA   Whiting M., Madan A., Young A.C., Shevchenko Y., Bouffard G.G.,
RA   Blakesley R.W., Touchman J.W., Green E.D., Dickson M.C.,
RA   Rodriguez A.C., Grimwood J., Schmutz J., Myers R.M.,
RA   Butterfield Y.S.N., Krzywinski M.I., Skalska U., Smailus D.E.,
RA   Schnerch A., Schein J.E., Jones S.J.M., Marra M.A.;
RT   "Generation and initial analysis of more than 15,000 full-length human
RT   and mouse cDNA sequences.";
RL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 99:16899-16903(2002).
RN   [2]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6; TISSUE=Brain;
RA   Strausberg R.;
RL   Submitted (SEP-2003) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; BC057370; AAH57370.1; -; mRNA.
DR   HSSP; Q00420; 1AWC.
DR   Ensembl; ENSMUSG00000031529; Mus musculus.
DR   MGI; MGI:1341087; Tnks.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   InterPro; IPR001290; PARP.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   InterPro; IPR011510; SAM_2.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 19.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 15.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 15.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ANK repeat; Repeat.
SQ   SEQUENCE   1320 AA;  140944 MW;  A90360DC665FFCC0 CRC64;

  Query Match             78.9%;  Score 5098;  DB 2;  Length 1320;
  Best Local Similarity   79.2%;  Pred. No. 3.6e-291;
  Matches  966;  Conservative  105;  Mismatches  130;  Indels   18;  Gaps    5;

Qy     22 AAHGTAPDPVTAGSQAAR--ALSASSP-GGLALLLAGPGLLLRLLALLLAVAAARIMSGR 78
          || | || |   |       | |||||    :   : ||      : |     |  :
Db    102 AAVGVAPTPAGGGGGGGNNSASSASSPTSSSSSSPSSPG------SSLAESPEAAGVGST 155

Qy     79 RCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHF 138
             | |||       ||  | ||| |||||||| ||||||    ||::| |||||:||||
Db    156 ATLGAGAAGLGPGVPAVSGALRELLEACRNGDVSRVKRLVDAANVNAKDMAGRKSSPLHF 215

Qy    139 AAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWN 198
          |||||||||||:||| |||| ||||||||||||||||||||||:|||  |||||||||||
Db    216 AAGFGRKDVVEHLLQMGANVHARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVSLLLCQGADPNARDNWN 275

Qy    199 YTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLES 258
          ||||||||||||||||||||||||:| ||||||::||||||||||||||||||||||||:
Db    276 YTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGADPNIRNTDGKSALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLEA 335

Qy    259 ARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGD 318
          ||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||
Db    336 ARSGNEEKLMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQHGADVHAKDKGG 395

Qy    319 LVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPT 378
          |||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||
Db    396 LVPLHNACSYGHYEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSHGADPT 455

Qy    379 LLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTH 438
          |:||| |||:|:||||:|:||| ||||||||||||||||: ::|| |:||::||| ||:|
Db    456 LVNCHGKSAVDMAPTPELRERLTYEFKGHSLLQAAREADLAKVKKTLALEIINFKQPQSH 515

Qy    439 ETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEA 498
          ||||||| || :|||||: |||||||||:||| |:|:||||||:|:|||||:||: || |
Db    516 ETALHCAVASLHPKRKQVAELLLRKGANVNEKNKDFMTPLHVAAERAHNDVMEVLHKHGA 575

Qy    499 KVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEG 558
          |:||||:||||:|||||  ||||||||||||| ||:||||||||| ||||| |||:| |
Db    576 KMNALDSLGQTALHRAALAGHLQTCRLLLSYGSDPSIISLQGFTAAQMGNEAVQQILSES 635

Qy    559 ISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEY 618
            :  |: | :||||:||||:||||:||: |:|||||:||| ||||||||||||||||||
Db    636 TPMRTSDVDYRLLEASKAGDLETVKQLCSPQNVNCRDLEGRHSTPLHFAAGYNRVSVVEY 695

Qy    619 LLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGK 678
          || ||||||||||||||||||||||||||||||||:||| ||||||||||||||||||||
Db    696 LLHHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASVNVADLWKFTPLHEAAAKGK 755

Qy    679 YEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKL 738
          ||||||||:||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||:||
Db    756 YEICKLLLKHGADPTKKNRDGNTPLDLVKEGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVQKL 815

Qy    739 SSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGH 798
           :|:|:||||||||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||
Db    816 CTPENINCRDTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGH 875

Qy    799 VDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL 858
          ||:|||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||
Db    876 VDIAALLIKYNTCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTMKNQEGQTPLDL 935
```

```
Qy         859 VSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNL 918
                :|||: |||  |||| |||:|:|||           : :| |  |:|| ||||||:|||
Db         936 ATADDIRALLIDAMPPEALPTCFKPQAT-------VVSASLISPASTPSCLSAASSIDNL 988

Qy         919 SGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKK--EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLD 976
               :|  ::|:   :|:  :||:  |:|  || |:| :|:||:::|||||| |||| ||||||
Db         989 TGPLTDLAVGGASNAGDGAAGAERKEGEVAGLDMNISQFLKSLGLEHLRDIFETEQITLD 1048

Qy         977 VLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDD 1036
               || :|||:|||||||||||||||||||||||: |||| ||||| :    ||||:||:|:|
Db        1049 VLADMGHEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQGTNPYLTFHCVNQGTILLDLAPED 1108

Qy        1037 KEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHN 1096
               ||:||||||||||:|||||||:|||||||||:::|||| |||| ||: ||:|||||||||
Db        1109 KEYQSVEEEMQSTIREHRDGGNAGGIFNRYNVIRIQKVVNKKLRERFCHRQKEVSEENHN 1168

Qy        1097 HANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGTGCP 1156
               | |||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1169 HHNERMLFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGTGCP 1228

Qy        1157 VHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIY 1216
                ||||||||||||:||||||||||||||| |||||:||||||| ||||||||| ||||||
Db        1229 THKDRSCYICHRQMLFCRVTLGKSFLQFSTMKMAHAPPGHHSVIGRPSVNGLAYAEYVIY 1288

Qy        1217 RGEQAYPEYLITYQIMRPE 1235
               ||||||||||||||||:||
Db        1289 RGEQAYPEYLITYQIMKPE 1307


RESULT 5
Q4G0F2_HUMAN
ID   Q4G0F2_HUMAN    PRELIMINARY;    PRT;   1327 AA.
AC   Q4G0F2;
DT   30-AUG-2005, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   30-AUG-2005, sequence version 1.
DT   07-FEB-2006, entry version 4.
DE   Tankyrase, TRF1-interacting ankyrin-related ADP-ribose polymerase.
GN   Name=TNKS;
OS   Homo sapiens (Human).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini; Hominidae;
OC   Homo.
OX   NCBI_TaxID=9606;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   TISSUE=Testis;
RX   MEDLINE=22388257; PubMed=12477932; DOI=10.1073/pnas.242603899;
RA   Strausberg R.L., Feingold E.A., Grouse L.H., Derge J.G.,
RA   Klausner R.D., Collins F.S., Wagner L., Shenmen C.M., Schuler G.D.,
RA   Altschul S.F., Zeeberg B., Buetow K.H., Schaefer C.F., Bhat N.K.,
RA   Hopkins R.F., Jordan H., Moore T., Max S.I., Wang J., Hsieh F.,
RA   Diatchenko L., Marusina K., Farmer A.A., Rubin G.M., Hong L.,
RA   Stapleton M., Soares M.B., Bonaldo M.F., Casavant T.L., Scheetz T.E.,
RA   Brownstein M.J., Usdin T.B., Toshiyuki S., Carninci P., Prange C.,
RA   Raha S.S., Loquellano N.A., Peters G.J., Abramson R.D., Mullahy S.J.,
RA   Bosak S.A., McEwan P.J., McKernan K.J., Malek J.A., Gunaratne P.H.,
RA   Richards S., Worley K.C., Hale S., Garcia A.M., Gay L.J., Hulyk S.W.,
RA   Villalon D.K., Muzny D.M., Sodergren E.J., Lu X., Gibbs R.A.,
RA   Fahey J., Helton E., Ketteman M., Madan A., Rodrigues S., Sanchez A.,
RA   Whiting M., Madan A., Young A.C., Shevchenko Y., Bouffard G.G.,
RA   Blakesley R.W., Touchman J.W., Green E.D., Dickson M.C.,
RA   Rodriguez A.C., Grimwood J., Schmutz J., Myers R.M.,
RA   Butterfield Y.S.N., Krzywinski M.I., Skalska U., Smailus D.E.,
RA   Schnerch A., Schein J.E., Jones S.J.M., Marra M.A.;
RT   "Generation and initial analysis of more than 15,000 full-length human
RT   and mouse cDNA sequences.";
RL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 99:16899-16903(2002).
RN   [2]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   TISSUE=Testis;
RG   NIH MGC Project;
RL   Submitted (JUL-2005) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; BC098394; AAH98394.1; -; mRNA.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 18.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 15.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 15.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ANK repeat; Repeat.
SQ   SEQUENCE   1327 AA;  141980 MW;  21A8309DF979CA21 CRC64;

  Query Match             78.8%;  Score 5095.5;  DB 2;  Length 1327;
  Best Local Similarity   79.1%;  Pred. No. 5.1e-291;
  Matches  962;  Conservative  110;  Mismatches  129;  Indels   15;  Gaps    3;

Qy          22 AAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLLRLLALLLAVAAARIMSGRRCA 81
               :| | ||:|  :||  : : |:|     :   : ||      : |     |  :|
Db         112 SAAGVAPNPAGSGSNNSPSSSSSPTSSSSSSPSSPG------SSLAESPEAAGVSSTAPL 165

Qy          82 GGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAG 141
               | |||       ||  | ||| |||||||| ||||||    ||::| |||||:|||||||
Db         166 GPGAAGPGTGVPAVSGALRELLEACRNGDVSRVKRLVDAANVNAKDMAGRKSSPLHFAAG 225

Qy         142 FGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTP 201
               ||||||||:||| |||| ||||||||||||||||||||||:|||  ||||||||||||||
Db         226 FGRKDVVEHLLQMGANVHARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVSLLLCQGADPNARDNWNYTP 285

Qy         202 LHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARS 261
               |||||||||||||||||||||:| ||||||::||||||||||||||||||||||||:|||
Db         286 LHEAAIKGKIDVCIVLLQHGADPNIRNTDGKSALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLEAARS 345

Qy         262 GNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVP 321
               |||||:|||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||| |||
Db         346 GNEEKLMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQHGADVHAKDKGGLVP 405

Qy         322 LHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLN 381
               ||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||:|
Db         406 LHNACSYGHYEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSHGADPTLVN 465

Qy         382 CHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETA 441
               || |||:|:||||:|:||| ||||||||||||||||: ::|| |:||::||| ||:||||
Db         466 CHGKSAVDMAPTPELRERLTYEFKGHSLLQAAREADLAKVKKTLALEIINFKQPQSHETA 525

Qy         442 LHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVN 501
               |||| || :|||||: |||||||||:||| |:|:||||||:|:|||||:||: || ||:|
Db         526 LHCAVASLHPKRKQVTELLLRKGANVNEKNKDFMTPLHVAAERAHNDVMEVLHKHGAKMN 585

Qy         502 ALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISL 561
               ||| ||||:|||||  ||||||||||||| ||:||||||||| ||||| |||:| |   :
Db         586 ALDTLGQTALHRAALAGHLQTCRLLLSYGSDPSIISLQGFTAAQMGNEAVQQILSESTPI 645

Qy         562 GNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQ 621
                 |: | :||||:||||:||||:||: |:|||||:||| ||||||||||||||||||||
Db         646 RTSDVDYRLLEASKAGDLETVKQLCSSQNVNCRDLEGRHSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLH 705

Qy         622 HGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEI 681
               ||||||||||||||||||||||||||||||||:||| |||||||||||||||||||||||
Db         706 HGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEI 765

Qy         682 CKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSP 741
```

```
              |||||:||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||:|| :|
Db        766 CKLLLKHGADPTKKNRDGNTPLDLVKEGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVQKLCTP 825

Qy        742 DNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDV 801
              :|:||||||||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||:
Db        826 ENINCRDTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDI 885

Qy        802 AALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSA 861
              |||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||| :|
Db        886 AALLIKYNTCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTMKNQEGQTPLDLATA 945

Qy        862 DDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGS 921
              ||: |||  |||| |||:|:|||           : :| |  |:|| ||||||:|||:|
Db        946 DDIRALLIDAMPPEALPTCFKPQAT-------VVSASLISPASTPSCLSAASSIDNLTGP 998

Qy        922 FSELSSVVSSSGTEGASSLEKK--EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLV 979
               : |:   :|:  :||:  |:|  || |:| :|:||:::|||||| |||| ||||||||
Db        999 LAGLAVGGASNAGDGAAGTERKEGEVAGLDMNISQFLKSLGLEHLRDIFETEQITLDVLA 1058

Qy        980 EMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEF 1039
              :|||:|||||||||||||||||||||||: |||| ||||| :    ||||:||:|:|||:
Db       1059 DMGHEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQGTNPYLTFHCVNQGTILLDLAPEDKEY 1118

Qy       1040 QSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHAN 1099
              ||||||||||:|||||||:|||||||||:::|||| |||| ||: ||:|||||||||| |
Db       1119 QSVEEEMQSTIREHRDGGNAGGIFNRYNVIRIQKVVNKKLRERFCHRQKEVSEENHNHHN 1178

Qy       1100 ERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHK 1159
              ||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Db       1179 ERMLFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPTHK 1238

Qy       1160 DRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGE 1219
              ||||||||||:||||||||||||||| :||||:||||||| ||||||||| |||||||||
Db       1239 DRSCYICHRQMLFCRVTLGKSFLQFSTIKMAHAPPGHHSVIGRPSVNGLAYAEYVIYRGE 1298

Qy       1220 QAYPEYLITYQIMRPE 1235
              |||||||||||||:||
Db       1299 QAYPEYLITYQIMKPE 1314


RESULT 6
Q800D9_CHICK
ID   Q800D9_CHICK   PRELIMINARY;   PRT;  1266 AA.
AC   Q800D9;
DT   01-JUN-2003, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   01-JUN-2003, sequence version 1.
DT   07-FEB-2006, entry version 14.
DE   Tankyrase 1.
OS   Gallus gallus (Chicken).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Archosauria; Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae; Phasianinae;
OC   Gallus.
OX   NCBI_TaxID=9031;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RX   MEDLINE=22615216; PubMed=12589701; DOI=10.1042/BJ20021450;
RA   De Rycker M., Venkatesan R.N., Wei C., Price C.M.;
RT   "Vertebrate tankyrase domain structure and sterile alpha motif (SAM)-
RT   mediated multimerization.";
RL   Biochem. J. 372:87-96(2003).
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; AY142108; AAN41651.1; -; mRNA.
DR   HSSP; P16157; 1N11.
DR   Ensembl; ENSGALG00000011438; Gallus gallus.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   InterPro; IPR001290; PARP.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
```

```
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   InterPro; IPR011510; SAM_2.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 19.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 15.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 15.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ANK repeat; Repeat.
SQ   SEQUENCE   1266 AA;  136212 MW;  14B8617EF930E6E0 CRC64;

  Query Match             78.5%;  Score 5074;  DB 2;  Length 1266;
  Best Local Similarity   77.6%;  Pred. No. 8.7e-290;
  Matches  964;  Conservative  109;  Mismatches  120;  Indels   50;  Gaps    6;

Qy          5 RRGAAGGQG-----AQRGARVGAAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLL 59
              |   || :|     |:|      : | || |   || ::   ||||
Db         49 RHSLAGPEGEAPPDAERPPAPECSEGAAPGP-PPGSGSSSGSSASS-------------- 93

Qy         60 LRLLALLLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAA-----RELFEACRNGDVERV 114
                              |    :   :  :| |||: | |      ||| |||||||| ||
Db         94 ----------------SSSSSSTSSSVASSPAAESPEAAGPSGAFRELLEACRNGDVTRV 137

Qy        115 KRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACS 174
              ||||    ||::| |||||||||||||||||||||:||| |||| |||||||||||||||
Db        138 KRLVDAGNVNAKDMAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEHLLQTGANVHARDDGGLIPLHNACS 197

Qy        175 FGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTA 234
              |||||||:|||  |||||||||||||||||||||||||||||||||||:| |||||| ::|
Db        198 FGHAEVVSLLLCQGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGADPNIRNTDGKSA 257

Qy        235 LDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAG 294
              ||||||||:||||||||||||||:||||||||:|||||||||||||||||||||||||||
Db        258 LDLADPSAEAVLTGEYKKDELLEAARSGNEEKLMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAG 317

Qy        295 YNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTP 354
              ||||:|||||||||||||||||| |||||||||||||||||||:||||||||||||||||
Db        318 YNRVRIVQLLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTP 377

Qy        355 LHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAR 414
              ||||||||||||||||||:||||||:||| |||:|:||||:|:||| |||||||||||||
Db        378 LHEAASKNRVEVCSLLLSHGADPTLVNCHGKSAVDMAPTPELRERLTYEFKGHSLLQAAR 437

Qy        415 EADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEF 474
              |||: ::|| |:||::||| ||:|||||||| |: :|||||: |||||||||:||| |:|
Db        438 EADLAKVKKTLALEIINFKQPQSHETALHCAVAAVHPKRKQVTELLLRKGANVNEKNKDF 497

Qy        475 LTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPN 534
              :||||||:|||||||:||: || ||:|||| ||||:|||||  ||||||||||:|| ||:
Db        498 MTPLHVAAEKAHNDVMEVLHKHGAKMNALDTLGQTALHRAALAGHLQTCRLLLNYGSDPS 557

Qy        535 IISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCR 594
              ||||||||| |:||| |||:| |   :  |: | :||||:||||:||||:||: |:||||
Db        558 IISLQGFTAAQIGNEAVQQILSESTPVRTSDVDYRLLEASKAGDLETVKQLCSPQNVNCR 617

Qy        595 DIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVK 654
              |:||| |||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||:
Db        618 DLEGRHSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLHHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVR 677

Qy        655 HGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQ 714
              ||| ||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||:||||||
Db        678 HGASVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLKHGADPTKKNRDGNTPLDLVKEGDTDIQ 737

Qy        715 DLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQ 774
              |||||||||||||||||||||:|| :|:|:||||||||:||||||||||||||||||||:
Db        738 DLLRGDAALLDAAKKGCLARVQKLCTPENINCRDTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLE 797

Qy        775 HGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQL 834
              ||||||||||||||||||||||||||:|||||||| ||||||||||||||||||||||||
Db         798 HGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDIAALLIKYNTCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQL 857

Qy         835 CALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGA 894
               ||||||||||||:||||||||||| :|||: |||  |||| |||:|:| |
Db         858 CALLLAHGADPTMKNQEGQTPLDLATADDIRALLIDAMPPEALPTCFKLQAT-------V 910

Qy         895 TADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKK--EVPGVDFSI 952
                : :| |  |:|| ||||||:|||:|  :||:   :|:  :||:  |:|  || |:| :|
Db         911 VSASLISPASTPSCLSAASSIDNLTGPLAELAVGGASNTGDGAAGTERKEGEVSGLDMNI 970

Qy         953 TQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQ 1012
               |||:::|||||| |||| |||||||| :|||:|||||||||||||||||||||||: |||
Db         971 TQFLKSLGLEHLRDIFETEQITLDVLADMGHEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQ 1030

Qy        1013 GLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQ 1072
               | ||||| :    ||||:||:|||||:||||||||||:|||||||:|||||||||:::||
Db        1031 GTNPYLTFHCVSQGTILLDLAPDDKEYQSVEEEMQSTIREHRDGGNAGGIFNRYNVIRIQ 1090

Qy        1073 KVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAG 1132
               || |||| ||: ||:|||||||||| |||||||||||:||||||||||||||||||||||
Db        1091 KVVNKKLRERFCHRQKEVSEENHNHHNERMLFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAG 1150

Qy        1133 IYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHS 1192
               |||||||||||||||||||||||| ||||||||||||:||||||||||||||| |||||:
Db        1151 IYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPTHKDRSCYICHRQMLFCRVTLGKSFLQFSTMKMAHA 1210

Qy        1193 PPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPE 1235
               ||||||| ||||||||| |||||||||||||||||||||::||
Db        1211 PPGHHSVIGRPSVNGLAYAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIVKPE 1253

RESULT 7
Q5XGK5_XENLA
ID   Q5XGK5_XENLA    PRELIMINARY;    PRT;   1303 AA.
AC   Q5XGK5;
DT   23-NOV-2004, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   23-NOV-2004, sequence version 1.
DT   07-FEB-2006, entry version 12.
DE   LOC495279 protein.
GN   Name=LOC495279;
OS   Xenopus laevis (African clawed frog).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Amphibia; Batrachia; Anura; Mesobatrachia; Pipoidea; Pipidae;
OC   Xenopodinae; Xenopus; Xenopus.
OX   NCBI_TaxID=8355;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   TISSUE=Spleen;
RX   MEDLINE=22341132; PubMed=12454917; DOI=10.1002/dvdy.10174;
RA   Klein S.L., Strausberg R.L., Wagner L., Pontius J., Clifton S.W.,
RA   Richardson P.;
RT   "Genetic and genomic tools for Xenopus research: The NIH Xenopus
RT   initiative.";
RL   Dev. Dyn. 225:384-391(2002).
RN   [2]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   TISSUE=Spleen;
RX   MEDLINE=22388257; PubMed=12477932; DOI=10.1073/pnas.242603899;
RA   Strausberg R.L., Feingold E.A., Grouse L.H., Derge J.G.,
RA   Klausner R.D., Collins F.S., Wagner L., Shenmen C.M., Schuler G.D.,
RA   Altschul S.F., Zeeberg B., Buetow K.H., Schaefer C.F., Bhat N.K.,
RA   Hopkins R.F., Jordan H., Moore T., Max S.I., Wang J., Hsieh F.,
RA   Diatchenko L., Marusina K., Farmer A.A., Rubin G.M., Hong L.,
RA   Stapleton M., Soares M.B., Bonaldo M.F., Casavant T.L., Scheetz T.E.,
RA   Brownstein M.J., Usdin T.B., Toshiyuki S., Carninci P., Prange C.,
RA   Raha S.S., Loquellano N.A., Peters G.J., Abramson R.D., Mullahy S.J.,
RA   Bosak S.A., McEwan P.J., McKernan K.J., Malek J.A., Gunaratne P.H.,
RA   Richards S., Worley K.C., Hale S., Garcia A.M., Gay L.J., Hulyk S.W.,
RA   Villalon D.K., Muzny D.M., Sodergren E.J., Lu X., Gibbs R.A.,
RA   Fahey J., Helton E., Ketteman M., Madan A., Rodrigues S., Sanchez A.,
RA   Whiting M., Madan A., Young A.C., Shevchenko Y., Bouffard G.G.,
RA   Blakesley R.W., Touchman J.W., Green E.D., Dickson M.C.,
RA   Rodriguez A.C., Grimwood J., Schmutz J., Myers R.M.,
```

```
RA   Butterfield Y.S.N., Krzywinski M.I., Skalska U., Smailus D.E.,
RA   Schnerch A., Schein J.E., Jones S.J.M., Marra M.A.;
RT   "Generation and initial analysis of more than 15,000 full-length human
RT   and mouse cDNA sequences.";
RL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 99:16899-16903(2002).
RN   [3]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   TISSUE=Spleen;
RA   Klein S., Gerhard D.S.;
RL   Submitted (OCT-2004) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; BC084432; AAH84432.1; -; mRNA.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   InterPro; IPR001290; PARP.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   InterPro; IPR011510; SAM_2.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 18.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 15.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 15.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ANK repeat; Repeat.
SQ   SEQUENCE   1303 AA;  140271 MW;  5F4C3FE9329D5F8B CRC64;

  Query Match             77.5%;  Score 5010.5;  DB 2;  Length 1303;
  Best Local Similarity   77.0%;  Pred. No. 5e-286;
  Matches  947;  Conservative  110;  Mismatches  108;  Indels   65;  Gaps    5;

Qy          28 PDPVTAGSQAARALSASSP--------------------GGLALLLAGPGLLLRLLALLL 67
               |   ::|| :    |:|||                    ||:: :  |||
Db         104 PPAPSSGSSS----SSSSPSSNSLSSGGSPSESPESGVIGGVSSIGIGPG---------- 149

Qy          68 AVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRD 127
                                         ||  | |||||||||||| ||:||: |  ||::|
Db         150 ----------------------GPLSAVSGAFRELFEACRNGDVSRVRRLLEPGNVNAKD 187

Qy         128 TAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRH 187
                |||||||||||||||||||||:||| |||| |||||||||||||||||||||| |||
Db         188 MAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEHLLQTGANVHARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVTLLLCQ 247

Qy         188 GADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLT 247
               ||||||||||||||||||:||||||||||||||||:|:||||||::||||||||||||||
Db         248 GADPNARDNWNYTPLHEASIKGKIDVCIVLLQHGADPSIRNTDGKSALDLADPSAKAVLT 307

Qy         248 GEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQH 307
               ||||||||||:||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||
Db         308 GEYKKDELLEAARSGNEEKLMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQH 367

Qy         308 GADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVC 367
               |||||||||| ||||||||||||:||||||:|||||||||||||||||||||||||||||
Db         368 GADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHFEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVC 427

Qy         368 SLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSL 427
               |||||:||||||:||| |||:|:||||:|||||:||||||||||||||||: ::|| |:|
Db         428 SLLLSHGADPTLVNCHGKSAVDMAPTPELKERLSYEFKGHSLLQAAREADLAKVKKTLAL 487

Qy         428 EMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHN 487
               |::||| ||:|||||||| || :|||||| ||||||||::||| |:|:||||||||:|||
Db         488 EIINFKQPQSHETALHCAVASLHPKRKQITELLLRKGASVNEKNKDFMTPLHVASERAHN 547

Qy         488 DVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMG 547
```

```
               |||||: || ||:| || ||||:|||||  |||||||||||:| | :|:||||||| |||
Db         548 DVVEVLHKHGAKMNTLDTLGQTALHRAALGGHLQTCRLLLSFGSDASIVSLQGFTAAQMG 607

Qy         548 NENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFA 607
               || |||:| |   :  |: | :||||:||||:: ||:||: |:|||||:||| |||||||
Db         608 NEAVQQILNESTPVRTSDVDYRLLEASKAGDLDIVKQLCSSQNVNCRDLEGRHSTPLHFA 667

Qy         608 AGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKF 667
               ||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||:||| |||||||||
Db         668 AGYNRVSVVEYLLHHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASVNVADLWKF 727

Qy         668 TPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAA 727
               |||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         728 TPLHEAAAKGKYEICKLLLKHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAA 787

Qy         728 KKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGL 787
               ||||||||:|| : :|:||||||||:||||||||||||||||||||:|||||||||||||
Db         788 KKGCLARVQKLCTQENINCRDTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGL 847

Qy         788 IPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTL 847
               |||||||||||||:|||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:
Db         848 IPLHNAASYGHVDIAALLIKYNTCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTM 907

Qy         848 KNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPS 907
               |||| |||||| :|||: |||  |||| |||||:|||           : :: |  |:||
Db         908 KNQESQTPLDLATADDIRALLIDAMPPEALPSCFKPQAT-------VVSASIISPASTPS 960

Qy         908 SLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKK--EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLM 965
                ||||||:|||:|  :||:    |:  :||:  |:|  ||  :| :| ||:::|||||| 
Db         961 CLSAASSIDNLTGPLAELAVGGVSNAGDGAAGTERKEGEVTCLDMNINQFLKSLGLEHLR 1020

Qy         966 DIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGS 1025
               |||| |||||||| :|||:|||||||||||||||||||||||: |||| ||||| :    
Db        1021 DIFETEQITLDVLADMGHEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQGTNPYLTFHCVSQ 1080

Qy        1026 GTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTH 1085
               ||:|:||: |||| ||||||||:::|||||||:|||:|||||:::|||: |||| ||: |
Db        1081 GTVLLDLASDDKEHQSVEEEMQNSIREHRDGGNAGGVFNRYNVIRIQKIVNKKLRERFCH 1140

Qy        1086 RRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQY 1145
               |:|||||||||| |||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1141 RQKEVSEENHNHHNERMLFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQY 1200

Qy        1146 VYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1205
               ||||||||||| ||||||||||||:||||||||||||||| |||||:||||||| |||||
Db        1201 VYGIGGGTGCPTHKDRSCYICHRQMLFCRVTLGKSFLQFSTMKMAHAPPGHHSVIGRPSV 1260

Qy        1206 NGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPE 1235
               |||| ||||||||||||||||||||||:||
Db        1261 NGLAYAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMKPE 1290
```

```
RESULT 8
Q4RG97_TETNG
ID   Q4RG97_TETNG    PRELIMINARY;    PRT;   1212 AA.
AC   Q4RG97;
DT   19-JUL-2005, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   19-JUL-2005, sequence version 1.
DT   07-FEB-2006, entry version 5.
DE   Chromosome 12 SCAF15104, whole genome shotgun sequence. (Fragment).
GN   ORFNames=GSTENG00034904001;
OS   Tetraodon nigroviridis (Green puffer).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Euteleostei; Neoteleostei;
OC   Acanthomorpha; Acanthopterygii; Percomorpha; Tetraodontiformes;
OC   Tetradontoidea; Tetraodontidae; Tetraodon.
OX   NCBI_TaxID=99883;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RX   PubMed=15496914; DOI=10.1038/nature03025;
RA   Jaillon O., Aury J.-M., Brunet F., Petit J.-L., Stange-Thomann N.,
RA   Mauceli E., Bouneau L., Fischer C., Ozouf-Costaz C., Bernot A.,
RA   Nicaud S., Jaffe D., Fisher S., Lutfalla G., Dossat C., Segurens B.,
RA   Dasilva C., Salanoubat M., Levy M., Boudet N., Castellano S.,
RA   Anthouard V., Jubin C., Castelli V., Katinka M., Vacherie B.,
RA   Biemont C., Skalli Z., Cattolico L., Poulain J., De Berardinis V.,
RA   Cruaud C., Duprat S., Brottier P., Coutanceau J.-P., Gouzy J.,
RA   Parra G., Lardier G., Chapple C., McKernan K.J., McEwan P., Bosak S.,
RA   Kellis M., Volff J.-N., Guigo R., Zody M.C., Mesirov J.,
RA   Lindblad-Toh K., Birren B., Nusbaum C., Kahn D., Robinson-Rechavi M.,
RA   Laudet V., Schachter V., Quetier F., Saurin W., Scarpelli C.,
RA   Wincker P., Lander E.S., Weissenbach J., Roest Crollius H.;
RT   "Genome duplication in the teleost fish Tetraodon nigroviridis reveals
RT   the early vertebrate proto-karyotype.";
RL   Nature 431:946-957(2004).
RN   [2]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RG   Genoscope; Whitehead Institute Centre for Genome Research;
RL   Submitted (FEB-2004) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -!- CAUTION: The sequence shown here is derived from an
CC       EMBL/GenBank/DDBJ whole genome shotgun (WGS) entry which is
CC       preliminary data.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; CAAE01015104; CAG12585.1; -; Genomic_DNA.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 15.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 13.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 13.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ANK repeat.
FT   NON_TER       1      1
FT   NON_TER    1212   1212
SQ   SEQUENCE   1212 AA;  131719 MW;  973307E7FF92C219 CRC64;

  Query Match             75.4%;  Score 4875.5;  DB 2;  Length 1212;
  Best Local Similarity   75.8%;  Pred. No. 4.1e-278;
  Matches  925;  Conservative  109;  Mismatches   92;  Indels   95;  Gaps    9;

Qy          82 GGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAG 141
               | |||  :  : ::  | |||||||||||| ||||||  : ||
Db           7 GSGAASPTDGSSSIGGAFRELFEACRNGDVSRVKRLV--DSVNV---------------- 48

Qy         142 FGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTP 201
                | |      || |||| ||||||||||||||||||||||:||| |||||||||||||||
Db          49 LGEKTWWNTFLQTGANVHARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVSLLLCHGADPNARDNWNYTP 108

Qy         202 LHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARS 261
               |||||||||||||||||||||:| ||||||::||||||||||||||||||||||||:|||
Db         109 LHEAAIKGKIDVCIVLLQHGADPNIRNTDGKSALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLEAARS 168

Qy         262 GNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVP 321
               |||||:|||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||| |||
Db         169 GNEEKLMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQHGADVHAKDKGGLVP 228

Qy         322 LHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLN 381
               |||||||||:||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||
Db         229 LHNACSYGHFEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSHGADPTLLN 288

Qy         382 CHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETA 441
               ||:|||:|:||||:||:|| ||||||||||||||||: ::|| |:||:::||||||::||
Db         289 CHSKSAVDMAPTPELKDRLTYEFKGHSLLQAAREADMAKVKKTLALEIISFKHPQTNDTA 348
```

```
Qy        442 L---------HCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEV 492
              |         ||| |||:|||||: |||||||||||:| |:|:||||||:|:||||::||
Db        349 LMLKVAAVFQHCAVASPHPKRKQVTELLLRKGANINDKNKDFMTPLHVAAERAHNDILEV 408

Qy        493 VVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQ 552
              : || ||||| | ||||:|||||  ||:|||:|||||| || |:||||||| ||||| ||
Db        409 LQKHGAKVNAADTLGQTALHRAALAGHIQTCKLLLSYGADPAIVSLQGFTAAQMGNEAVQ 468

Qy        553 QLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETV------------------------KKLCTV 588
              |:| | :   ||: | : ||||||||::||                        ::||:
Db        469 QILNENVPTRNSDVDYRFLEAAKAGDLDTVQVSWSLALRLVSEGMRLQKVLSVSQQLCSP 528

Qy        589 QSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEV 648
              |:|||||:||| |||||||||||||:|||||| |||||||||||||||||||||||||||
Db        529 QNVNCRDLEGRHSTPLHFAAGYNRVAVVEYLLHHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEV 588

Qy        649 AELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKD 708
              |||||:||| ||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||||| |||:|||
Db        589 AELLVRHGASVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLKHGADPTKKNRDGNIPLDMVKD 648

Qy        709 GDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEV 768
              |||||||||||||||||||||||||||:|| ||:|:||||||||:|||||||||||||||
Db        649 GDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVQKLCSPENINCRDTQGRNSTPLHLAAGYNNLEV 708

Qy        769 AEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQ 828
              |||||:||||||||||||||||||||||||||:|||||||| ||||||||||||||||||
Db        709 AEYLLEHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDIAALLIKYNTCVNATDKWAFTPLHEAAQ 768

Qy        829 KGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLD-------------------------LVSADD 863
              ||||||||||||||||||:||||||| ||                         |: |||
Db        769 KGRTQLCALLLAHGADPTMKNQEGQTALDLATVNLPLFIVSTLYSRRAHGVFWLLLQADD 828

Qy        864 VSALLTAAMPPSALPSCYKPQ---VLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 920
              : |||  |||| |||||:|||   |   | || :|          || ||||||:|||:|
Db        829 IRALLIDAMPPDALPSCFKPQATVVSASVISPAST----------PSCLSAASSIDNLAG 878

Qy        921 SFSELSSVVSSSGT----EGASSLEKK--EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQIT 974
                :||::   |:|:    :||:  |:|  |:  :| :|:||:::|||:|| |||||||||
Db        879 PLTELAAAAVSTGSSGVADGATGSERKEGEMTMLDMNISQFLKSLGLDHLRDIFEREQIT 938

Qy        975 LDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP 1034
              |||| :|||:|||||||||||||||||||||||: |||| ||||| : :  |||||||:|
Db        939 LDVLADMGHEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQGANPYLTFHCASQGTILIDLAP 998

Qy       1035 DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEEN 1094
              ||||:||||||||||:|||||||:|||:|:||||:||||| |||| ||||||:||:::||
Db        999 DDKEYQSVEEEMQSTIREHRDGGNAGGVFSRYNIIKIQKVVNKKLRERYTHRQKEIADEN 1058

Qy       1095 HNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1154
              ||| |||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1059 HNHHNERMLFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1118

Qy       1155 CPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYV 1214
              || |||||||:||||:|||||||||||||||||||||:||||||| ||||||||| ||||
Db       1119 CPTHKDRSCYLCHRQMLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHAPPGHHSVIGRPSVNGLAYAEYV 1178

Qy       1215 IYRGEQAYPEYLITYQIMRPE 1235
              |||||||||||||||||::||
Db       1179 IYRGEQAYPEYLITYQILKPE 1199

RESULT 9
Q59FX0_HUMAN
ID   Q59FX0_HUMAN   PRELIMINARY;   PRT;  1055 AA.
AC   Q59FX0;
DT   26-APR-2005, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   26-APR-2005, sequence version 1.
DT   07-FEB-2006, entry version 6.
DE   Tankyrase, TRF1-interacting ankyrin-related ADP-ribose polymerase
DE   variant (Fragment).
OS   Homo sapiens (Human).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini; Hominidae;
OC   Homo.
OX   NCBI_TaxID=9606;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   TISSUE=Brain;
RA   Totoki Y., Toyoda A., Takeda T., Sakaki Y., Tanaka A., Yokoyama S.,
RA   Ohara O., Nagase T., Kikuno F.R.;
RT   "None Title.";
RL   Submitted (MAR-2005) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; AB209339; BAD92576.1; -; mRNA.
DR   Ensembl; ENSG00000173273; Homo sapiens.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   InterPro; IPR001290; PARP.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   InterPro; IPR011510; SAM_2.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 17.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 13.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 13.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ANK repeat.
FT   NON_TER       1      1
SQ   SEQUENCE   1055 AA;  115234 MW;  9210519D299EB805 CRC64;

  Query Match            72.4%;  Score 4681.5;  DB 2;  Length 1055;
  Best Local Similarity  82.9%;  Pred. No. 9e-267;
  Matches  870;  Conservative   94;  Mismatches   76;  Indels    9;  Gaps    2;

Qy        189 ADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTG 248
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||:| ||||||::|||||||||||||||
Db          1 ADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGADPNIRNTDGKSALDLADPSAKAVLTG 60

Qy        249 EYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHG 308
              |||||||||:||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||
Db         61 EYKKDELLEAARSGNEEKLMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQHG 120

Qy        309 ADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCS 368
              ||||||||| |||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 ADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCS 180

Qy        369 LLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLE 428
              ||||:||||||:||| |||:|:||||:|:||| ||||||||||||||||: ::|| |:||
Db        181 LLLSHGADPTLVNCHGKSAVDMAPTPELRERLTYEFKGHSLLQAAREADLAKVKKTLALE 240

Qy        429 MVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHND 488
              ::||| ||:|||||||| || :|||||: |||||||||:||| |:|:||||||:|:||||
Db        241 IINFKQPQSHETALHCAVASLHPKRKQVTELLLRKGANVNEKNKDFMTPLHVAAERAHND 300

Qy        489 VVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGN 548
              |:||: || ||:|||| ||||:|||||  ||||||||||||| || ||||||||| ||||
Db        301 VMEVLHKHGAKMNALDTLGQTALHRAALAGHLQTCRLLLSYGSDPSIISLQGFTAAQMGN 360

Qy        549 ENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAA 608
              | |||:| |   :  |: | :||||:||||:||||:||: |:|||||:||| ||||||||
Db        361 EAVQQILSESTPIRTSDVDYRLLEASKAGDLETVKQLCSSQNVNCRDLEGRHSTPLHFAA 420

Qy        609 GYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFT 668
              |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||:||| ||||||||||
Db        421 GYNRVSVVEYLLHHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASVNVADLWKFT 480
```

```
Qy        669 PLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAK 728
              ||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||
Db        481 PLHEAAAKGKYEICKLLLKHGADPTKKNRDGNTPLDLVKEGDTDIQDLLRGDAALLDAAK 540

Qy        729 KGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLI 788
              |||||||:|| :|:|:||||||||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||
Db        541 KGCLARVQKLCTPENINCRDTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGLI 600

Qy        789 PLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLK 848
              ||||||||||||:|||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|
Db        601 PLHNAASYGHVDIAALLIKYNTCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTMK 660

Qy        849 NQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSS 908
              |||||||||| :|||: |||  |||| |||:|:|||           : :| |  |:||
Db        661 NQEGQTPLDLATADDIRALLIDAMPPEALPTCFKPQAT-------VVSASLISPASTPSC 713

Qy        909 LSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKK--EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMD 966
              ||||||:|||:|  :||:   :|:  :||:  |:|  || |:| :|:||:::|||||| |
Db        714 LSAASSIDNLTGPLAELAVGGASNAGDGAAGTERKEGEVAGLDMNISQFLKSLGLEHLRD 773

Qy        967 IFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSG 1026
              ||| |||||||| :|||:|||||||||||||||||||||||: |||| ||||| :    |
Db        774 IFETEQITLDVLADMGHEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQGTNPYLTFHCVNQG 833

Qy       1027 TILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHR 1086
              |||:||:|:|||:||||||||||:|||||||:|||||||||:::|||| |||| ||: ||
Db        834 TILLDLAPEDKEYQSVEEEMQSTIREHRDGGNAGGIFNRYNVIRIQKVVNKKLRERFCHR 893

Qy       1087 RKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYV 1146
              :|||||||||| |||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        894 QKEVSEENHNHHNERMLFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYV 953

Qy       1147 YGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVN 1206
              |||||||||| ||||||||||||:||||||||||||||| |||||:||||||| ||||||
Db        954 YGIGGGTGCPTHKDRSCYICHRQMLFCRVTLGKSFLQFSTMKMAHAPPGHHSVIGRPSVN 1013

Qy       1207 GLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPE 1235
              ||| ||||||||||||||||||||||:||
Db       1014 GLAYAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMKPE 1042


RESULT 10
Q8BX62_MOUSE
ID   Q8BX62_MOUSE   PRELIMINARY;   PRT;   976 AA.
AC   Q8BX62;
DT   01-MAR-2003, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   01-MAR-2003, sequence version 1.
DT   07-FEB-2006, entry version 20.
DE   0 day neonate cerebellum cDNA, RIKEN full-length enriched library,
DE   clone:C230076L23 product:tankyrase, TRF1-interacting ankyrin-related
DE   ADP-ribose polymerase, full insert sequence.
GN   Name=Tnks;
OS   Mus musculus (Mouse).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia; Sciurognathi;
OC   Muroidea; Muridae; Murinae; Mus.
OX   NCBI_TaxID=10090;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   TISSUE=Cerebellum; STRAIN=C57BL/6J;
RX   MEDLINE=99279253; PubMed=10349636; DOI=10.1016/S0076-6879(99)03004-9;
RA   Carninci P., Hayashizaki Y.;
RT   "High-efficiency full-length cDNA cloning.";
RL   Methods Enzymol. 303:19-44(1999).
RN   [2]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Cerebellum;
RX   PubMed=16141072; DOI=10.1126/science.1112014;
RA   Carninci P., Kasukawa T., Katayama S., Gough J., Frith M.C., Maeda N.,
RA   Oyama R., Ravasi T., Lenhard B., Wells C., Kodzius R., Shimokawa K.,
RA   Bajic V.B., Brenner S.E., Batalov S., Forrest A.R., Zavolan M.,
RA   Davis M.J., Wilming L.G., Aidinis V., Allen J.E.,
RA   Ambesi-Impiombato A., Apweiler R., Aturaliya R.N., Bailey T.L.,
RA   Bansal M., Baxter L., Beisel K.W., Bersano T., Bono H., Chalk A.M.,
RA   Chiu K.P., Choudhary V., Christoffels A., Clutterbuck D.R.,
RA   Crowe M.L., Dalla E., Dalrymple B.P., de Bono B., Della Gatta G.,
RA   di Bernardo D., Down T., Engstrom P., Fagiolini M., Faulkner G.,
RA   Fletcher C.F., Fukushima T., Furuno M., Futaki S., Gariboldi M.,
RA   Georgii-Hemming P., Gingeras T.R., Gojobori T., Green R.E.,
RA   Gustincich S., Harbers M., Hayashi Y., Hensch T.K., Hirokawa N.,
RA   Hill D., Huminiecki L., Iacono M., Ikeo K., Iwama A., Ishikawa T.,
RA   Jakt M., Kanapin A., Katoh M., Kawasawa Y., Kelso J., Kitamura H.,
RA   Kitano H., Kollias G., Krishnan S.P., Kruger A., Kummerfeld S.K.,
RA   Kurochkin I.V., Lareau L.F., Lazarevic D., Lipovich L., Liu J.,
RA   Liuni S., McWilliam S., Madan Babu M., Madera M., Marchionni L.,
RA   Matsuda H., Matsuzawa S., Miki H., Mignone F., Miyake S., Morris K.,
RA   Mottagui-Tabar S., Mulder N., Nakano N., Nakauchi H., Ng P.,
RA   Nilsson R., Nishiguchi S., Nishikawa S., Nori F., Ohara O.,
RA   Okazaki Y., Orlando V., Pang K.C., Pavan W.J., Pavesi G., Pesole G.,
RA   Petrovsky N., Piazza S., Reed J., Reid J.F., Ring B.Z., Ringwald M.,
RA   Rost B., Ruan Y., Salzberg S.L., Sandelin A., Schneider C.,
RA   Schonbach C., Sekiguchi K., Semple C.A., Seno S., Sessa L., Sheng Y.,
RA   Shibata Y., Shimada H., Shimada K., Silva D., Sinclair B.,
RA   Sperling S., Stupka E., Sugiura K., Sultana R., Takenaka Y., Taki K.,
RA   Tammoja K., Tan S.L., Tang S., Taylor M.S., Tegner J., Teichmann S.A.,
RA   Ueda H.R., van Nimwegen E., Verardo R., Wei C.L., Yagi K.,
RA   Yamanishi H., Zabarovsky E., Zhu S., Zimmer A., Hide W., Bult C.,
RA   Grimmond S.M., Teasdale R.D., Liu E.T., Brusic V., Quackenbush J.,
RA   Wahlestedt C., Mattick J.S., Hume D.A., Kai C., Sasaki D., Tomaru Y.,
RA   Fukuda S., Kanamori-Katayama M., Suzuki M., Aoki J., Arakawa T.,
RA   Iida J., Imamura K., Itoh M., Kato T., Kawaji H., Kawagashira N.,
RA   Kawashima T., Kojima M., Kondo S., Konno H., Nakano K., Ninomiya N.,
RA   Nishio T., Okada M., Plessy C., Shibata K., Shiraki T., Suzuki S.,
RA   Tagami M., Waki K., Watahiki A., Okamura-Oho Y., Suzuki H., Kawai J.,
RA   Hayashizaki Y.;
RT   "The transcriptional landscape of the mammalian genome.";
RL   Science 309:1559-1563(2005).
RN   [3]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Cerebellum;
RX   PubMed=16141073; DOI=10.1126/science.1112009;
RG   RIKEN Genome Exploration Research Group, and Genome Science Group
RG   (Genome Network Core Team) and the FANTOM Consortium;
RT   "Antisense Transcription in the Mammalian Transcriptome.";
RL   Science 309:1564-1566(2005).
RN   [4]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Cerebellum;
RX   MEDLINE=22354683; PubMed=12466851; DOI=10.1038/nature01266;
RA   Okazaki Y., Furuno M., Kasukawa T., Adachi J., Bono H., Kondo S.,
RA   Nikaido I., Osato N., Saito R., Suzuki H., Yamanaka I., Kiyosawa H.,
RA   Yagi K., Tomaru Y., Hasegawa Y., Nogami A., Schonbach C., Gojobori T.,
RA   Baldarelli R., Hill D.P., Bult C., Hume D.A., Quackenbush J.,
RA   Schriml L.M., Kanapin A., Matsuda H., Batalov S., Beisel K.W.,
RA   Blake J.A., Bradt D., Brusic V., Chothia C., Corbani L.E., Cousins S.,
RA   Dalla E., Dragani T.A., Fletcher C.F., Forrest A., Frazer K.S.,
RA   Gaasterland T., Gariboldi M., Gissi C., Godzik A., Gough J.,
RA   Grimmond S., Gustincich S., Hirokawa N., Jackson I.J., Jarvis E.D.,
RA   Kanai A., Kawaji H., Kawasawa Y., Kedzierski R.M., King B.L.,
RA   Konagaya A., Kurochkin I.V., Lee Y., Lenhard B., Lyons P.A.,
RA   Maglott D.R., Maltais L., Marchionni L., McKenzie L., Miki H.,
RA   Nagashima T., Numata K., Okido T., Pavan W.J., Pertea G., Pesole G.,
RA   Petrovsky N., Pillai R., Pontius J.U., Qi D., Ramachandran S.,
RA   Ravasi T., Reed J.C., Reed D.J., Reid J., Ring B.Z., Ringwald M.,
RA   Sandelin A., Schneider C., Semple C.A., Setou M., Shimada K.,
RA   Sultana R., Takenaka Y., Taylor M.S., Teasdale R.D., Tomita M.,
RA   Verardo R., Wagner L., Wahlestedt C., Wang Y., Watanabe Y., Wells C.,
RA   Wilming L.G., Wynshaw-Boris A., Yanagisawa M., Yang I., Yang L.,
RA   Yuan Z., Zavolan M., Zhu Y., Zimmer A., Carninci P., Hayatsu N.,
RA   Hirozane-Kishikawa T., Konno H., Nakamura M., Sakazume N., Sato K.,
RA   Shiraki T., Waki K., Kawai J., Aizawa K., Arakawa T., Fukuda S.,
RA   Hara A., Hashizume W., Imotani K., Ishii Y., Itoh M., Kagawa I.,
RA   Miyazaki A., Sakai K., Sasaki D., Shibata K., Shinagawa A.,
RA   Yasunishi A., Yoshino M., Waterston R., Lander E.S., Rogers J.,
RA   Birney E., Hayashizaki Y.;
RT   "Analysis of the mouse transcriptome based on functional annotation of
RT   60,770 full-length cDNAs.";
RL   Nature 420:563-573(2002).
RN   [5]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Cerebellum;
RX   MEDLINE=21085660; PubMed=11217851; DOI=10.1038/35055500;
RA   Kawai J., Shinagawa A., Shibata K., Yoshino M., Itoh M., Ishii Y.,
RA   Arakawa T., Hara A., Fukunishi Y., Konno H., Adachi J., Fukuda S.,
RA   Aizawa K., Izawa M., Nishi K., Kiyosawa H., Kondo S., Yamanaka I.,
RA   Saito T., Okazaki Y., Gojobori T., Bono H., Kasukawa T., Saito R.,
RA   Kadota K., Matsuda H.A., Ashburner M., Batalov S., Casavant T.,
RA   Fleischmann W., Gaasterland T., Gissi C., King B., Kochiwa H.,
RA   Kuehl P., Lewis S., Matsuo Y., Nikaido I., Pesole G., Quackenbush J.,
RA   Schriml L.M., Staubli F., Suzuki R., Tomita M., Wagner L., Washio T.,
RA   Sakai K., Okido T., Furuno M., Aono H., Baldarelli R., Barsh G.,
RA   Blake J., Boffelli D., Bojunga N., Carninci P., de Bonaldo M.F.,
RA   Brownstein M.J., Bult C., Fletcher C., Fujita M., Gariboldi M.,
RA   Gustincich S., Hill D., Hofmann M., Hume D.A., Kamiya M., Lee N.H.,
RA   Lyons P., Marchionni L., Mashima J., Mazzarelli J., Mombaerts P.,
RA   Nordone P., Ring B., Ringwald M., Rodriguez I., Sakamoto N.,
RA   Sasaki H., Sato K., Schoenbach C., Seya T., Shibata Y., Storch K.-F.,
RA   Suzuki H., Toyo-oka K., Wang K.H., Weitz C., Whittaker C., Wilming L.,
RA   Wynshaw-Boris A., Yoshida K., Hasegawa Y., Kawaji H., Kohtsuki S.,
RA   Hayashizaki Y.;
RT   "Functional annotation of a full-length mouse cDNA collection.";
RL   Nature 409:685-690(2001).
RN   [6]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Cerebellum;
RX   MEDLINE=20499374; PubMed=11042159; DOI=10.1101/gr.145100;
RA   Carninci P., Shibata Y., Hayatsu N., Sugahara Y., Shibata K., Itoh M.,
RA   Konno H., Okazaki Y., Muramatsu M., Hayashizaki Y.;
RT   "Normalization and subtraction of cap-trapper-selected cDNAs to
RT   prepare full-length cDNA libraries for rapid discovery of new genes.";
RL   Genome Res. 10:1617-1630(2000).
RN   [7]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Cerebellum;
RX   MEDLINE=20530913; PubMed=11076861; DOI=10.1101/gr.152600;
RA   Shibata K., Itoh M., Aizawa K., Nagaoka S., Sasaki N., Carninci P.,
RA   Konno H., Akiyama J., Nishi K., Kitsunai T., Tashiro H., Itoh M.,
RA   Sumi N., Ishii Y., Nakamura S., Hazama M., Nishine T., Harada A.,
RA   Yamamoto R., Matsumoto H., Sakaguchi S., Ikegami T., Kashiwagi K.,
RA   Fujiwake S., Inoue K., Togawa Y., Izawa M., Ohara E., Watahiki M.,
RA   Yoneda Y., Ishikawa T., Ozawa K., Tanaka T., Matsuura S., Kawai J.,
RA   Okazaki Y., Muramatsu M., Inoue Y., Kira A., Hayashizaki Y.;
RT   "RIKEN integrated sequence analysis (RISA) system-384-format
RT   sequencing pipeline with 384 multicapillary sequencer.";
RL   Genome Res. 10:1757-1771(2000).
RN   [8]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Cerebellum;
RA   Adachi J., Aizawa K., Akimura T., Arakawa T., Bono H., Carninci P.,
RA   Fukuda S., Furuno M., Hanagaki T., Hara A., Hashizume W.,
RA   Hayashida K., Hayatsu N., Hiramoto K., Hiraoka T., Hirozane T.,
RA   Hori F., Imotani K., Ishii Y., Itoh M., Kagawa I., Kasukawa T.,
RA   Katoh H., Kawai J., Kojima Y., Kondo S., Konno H., Kouda M., Koya S.,
RA   Kurihara C., Matsuyama T., Miyazaki A., Murata M., Nakamura M.,
RA   Nishi K., Nomura K., Numazaki R., Ohno M., Ohsato N., Okazaki Y.,
RA   Saito R., Saitoh H., Sakai C., Sakai K., Sakazume N., Sano H.,
RA   Sasaki D., Shibata K., Shinagawa A., Shiraki T., Sogabe Y., Tagami M.,
RA   Tagawa A., Takahashi F., Takaku-Akahira S., Takeda Y., Tanaka T.,
RA   Tomaru A., Toya T., Yasunishi A., Muramatsu M., Hayashizaki Y.;
RL   Submitted (JUL-2001) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; AK048860; BAC33475.1; -; mRNA.
DR   HSSP; P16157; 1N11.
DR   Ensembl; ENSMUSG00000031529; Mus musculus.
DR   MGI; MGI:1341087; Tnks.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   InterPro; IPR001290; PARP.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   InterPro; IPR011510; SAM_2.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 15.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 12.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 12.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ANK repeat; Repeat.
SQ   SEQUENCE   976 AA;  106663 MW;  356B10CE9C33ECF1 CRC64;

  Query Match             66.3%;  Score 4285.5;  DB 2;  Length 976;
  Best Local Similarity   82.0%;  Pred. No. 1.8e-243;
  Matches  798;  Conservative   88;  Mismatches   72;  Indels   15;  Gaps    3;

Qy        268 MALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACS 327
              |||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||| |||||||||
Db          1 MALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACS 60

Qy        328 YGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSA 387
              ||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||:||| |||
Db         61 YGHYEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSHGADPTLVNCHGKSA 120

Qy        388 IDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAA 447
              :|:||||:|:||| ||||||||||||||||: ::|| |:||::||| ||:|||||||| |
Db        121 VDMAPTPELRERLTYEFKGHSLLQAAREADLAKVKKTLALEIINFKQPQSHETALHCAVA 180

Qy        448 SPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLG 507
              | :|||||: |||||||||:||| |:|:||||||:|:|||||:||: || ||:||||:||
Db        181 SLHPKRKQVAELLLRKGANVNEKNKDFMTPLHVAAERAHNDVMEVLHKHGAKMNALDSLG 240

Qy        508 QTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEAD 567
              ||:|||||  ||||||||||||| ||:||||||||| ||||| |||:| |   :  |: |
Db        241 QTALHRAALAGHLQTCRLLLSYGSDPSIISLQGFTAAQMGNEAVQQILSESTPMRTSDVD 300

Qy        568 RQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVH 627
               :||||:||||:||||:||: |:|||||:||| |||||||||||||||||||| ||||||
Db        301 YRLLEASKAGDLETVKQLCSPQNVNCRDLEGRHSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLHHGADVH 360

Qy        628 AKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQ 687
              ||||||||||||||||||||||||||:||| ||||||||||||||||||||||||||||:
Db        361 AKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLK 420

Qy        688 HGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCR 747
              ||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||:|| :|:|:|||
Db        421 HGADPTKKNRDGNTPLDLVKEGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVQKLCTPENINCR 480

Qy        748 DTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIK 807
              |||||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||:||||||
Db        481 DTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDIAALLIK 540

Qy        808 YNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSAL 867
              || ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||| :|||: ||
Db        541 YNTCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTMKNQEGQTPLDLATADDIRAL 600

Qy        868 LTAAMPPSALPSCYKPQ---VLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSE 924
              |  |||| |||:|:|||   |   |  || :|          || ||||||:|||:|  ::
Db        601 LIDAMPPEALPTCFKPQATVVSASVISPAST----------PSCLSAASSIDNLTGPLTD 650

Qy        925 LSSVVSSSGTEGASSLEKK--EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMG 982
              |:   :|:  :||:  |:|  || |:| :| ||:::|||||| |||| |||||||| :||
Db        651 LAVGGASNAGDGAAGAERKEGEVAGLDMNIIQFLKSLGLEHLRDIFETEQITLDVLADMG 710

Qy        983 HKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSV 1042
```

```
             |:|||||||||||||||||||||||: |||| ||||| :    ||||:||:|:|||:|||
Db       711 HEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQGTNPYLTFHCVNQGTILLDLAPEDKEYQSV 770

Qy      1043 EEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERM 1102
             |||||||:|||||||:|||||||||:::|||| |||| ||: ||:|||||||||| ||||
Db       771 EEEMQSTIREHRDGGNAGGIFNRYNVIRIQKVVNKKLRERFCHRQKEVSEENHNHHNERM 830

Qy      1103 LFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRS 1162
             |||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Db       831 LFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPTHKDRS 890

Qy      1163 CYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQAY 1222
             |||||||:||||||||||||||| |||||:||||||| ||||||||| ||||||||||||
Db       891 CYICHRQMLFCRVTLGKSFLQFSTMKMAHAPPGHHSVIGRPSVNGLAYAEYVIYRGEQAY 950

Qy      1223 PEYLITYQIMRPE 1235
             ||||||||||:||
Db       951 PEYLITYQIMKPE 963


RESULT 11
Q7PYH8_ANOGA
ID   Q7PYH8_ANOGA     PRELIMINARY;     PRT;   1168 AA.
AC   Q7PYH8;
DT   15-DEC-2003, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   06-DEC-2005, sequence version 2.
DT   07-FEB-2006, entry version 21.
DE   ENSANGP00000018360.
GN   ORFNames=ENSANGG00000015871;
OS   Anopheles gambiae str. PEST.
OC   Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Hexapoda; Insecta; Pterygota;
OC   Neoptera; Endopterygota; Diptera; Nematocera; Culicoidea; Culicidae;
OC   Anophelinae; Anopheles.
OX   NCBI_TaxID=180454;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=PEST;
RG   The Anopheles gambiae Sequence Committee;
RT   "Anopheles gambiae re-annotation.";
RL   Submitted (APR-2002) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
RN   [2]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=PEST;
RG   The Anopheles gambiae Sequence Committee;
RL   Submitted (APR-2004) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -!- CAUTION: The sequence shown here is derived from an
CC       EMBL/GenBank/DDBJ whole genome shotgun (WGS) entry which is
CC       preliminary data.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; AAAB01008987; EAA01120.2; -; Genomic_DNA.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
KW   ANK repeat; Repeat.
SQ   SEQUENCE   1168 AA;  126988 MW;  0386A4161210012B CRC64;

  Query Match              64.3%;  Score 4156.5;  DB 2;  Length 1168;
  Best Local Similarity    65.9%;  Pred. No. 9.2e-236;
  Matches  791;  Conservative  160;  Mismatches  178;  Indels   71;  Gaps   10;

Qy        75 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 134
             ||  |     :    ||| | :|  |||||||: ||: :||:|:||: ||:|||||||||
Db         1 MSANRSRSMLSVNLEAAAMANDP-LRELFEACKTGDLAKVKKLITPQTVNARDTAGRKST 59

Qy       135 PLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 194
             |||||||:||:||||:|| |||::|||||||| |||||||||||:|| |||  ||:|| |
Db        60 PLHFAAGYGRRDVVEFLLANGASIQARDDGGLHPLHNACSFGHADVVRLLLEAGANPNTR 119

Qy       195 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 254
             |||||||||||| |||||||| ||||||:|:|||:: :  ||||||  :  ||||||:|||
Db       120 DNWNYTPLHEAASKGKIDVCIALLQHGADPSIRNSENKIPLDLADPCTRPVLTGEYRKDE 179

Qy       255 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 314
             |||:||||:||::: ||||||||||              ||||:::||:|||||||||||
Db       180 LLEAARSGSEERLLELLTPLNVNCH--------------GYNRIRVVQILLQHGADVHAK 225

Qy       315 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 374
             ||| ||||||||||||:||||||:|||  ||| ||| ||||||||||:|||||||||| |
Db       226 DKGGLVPLHNACSYGHFEVTELLIKHGGNVNANDLWAFTPLHEAASKSRVEVCSLLLSEG 285

Qy       375 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 434
             ||||||||||||||| ||| :|:|::|||:||| :| | |:||: |:||:|: | ||| |
Db       286 ADPTLLNCHNKSAIDSAPTRELQEKIAYEYKGHCVLDACRQADIQRLKKNLTTETVNFVH 345

Qy       435 PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVV 494
             | : :| :|  | | ||||||: |:|:|||| :||| |:||||||:|:: :| ::::|::
Db       346 PYSGDTPVHAVAQSVYPKRKQVLEVLIRKGALLNEKNKDFLTPLHIAADNSHYELMDVLL 405

Qy       495 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 554
             :| |||:||| ||||:||| |   ::| |||||||| | :|:||||:|| |:  ||| ::
Db       406 RHGAKVDALDGLGQTALHRCAREDNIQACRLLLSYGIDISIVSLQGYTAAQLATENVLKI 465

Qy       555 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKK--LCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNR 612
             ||:  |    : :  ||||||||||::||::  | :  :|||||::|| ||||||||||||
Db       466 LQDPPS-DTVDLECQLLEAAKAGDLDTVRRIVLSSPMTVNCRDLDGRHSTPLHFAAGYNR 524

Qy       613 VSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHE 672
             | |||:||:|||:||| ||||||||||||||||||| |||||||| ||||||||||||||
Db       525 VPVVEFLLEHGAEVHASDKGGLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGANVNVADLWKFTPLHE 584

Qy       673 AAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCL 732
             ||||||||| |||::|||| ||||||| ||||||::|| |: |||||:|||||||||| |
Db       585 AAAKGKYEIVKLLIKHGADVTKKNRDGATPLDLVREGDQDVADLLRGNAALLDAAKKGNL 644

Qy       733 ARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHN 792
             |||::| | ||:|||| |||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||
Db       645 ARVQRLVSADNINCRDAQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGLIPLHN 704

Qy       793 AASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEG 852
             |:||||:|:||||||:|  ||||||| :|||||||||||||||:||||||||| :|||||
Db       705 ASSYGHLDIAALLIKHNTVVNATDKWGYTPLHEAAQKGRTQLCSLLLAHGADPFMKNQEG 764

Qy       853 QTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAA 912
             || ||| :|:||  ||  ||            | :     | ||    :| |    |||
Db       765 QTSLDLATAEDVKCLLQDAM------------VASQGTVAGGTAAGAGAGTSQGGILSAN 812

Qy       913 SSLDNLSGSFSELSSVVS---------------------SSGTEGASSL----------E 941
              :|  |: | |  :  |:                      |  :|| :           :
Db       813 GTL--LATSCSPTTETVTLPTGASMTLSVPVPQLPVRSCLSPAQGAEANVDGIVVDHDDK 870

Qy       942 KKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLI 1001
                || ::  |:: |: :| ||||:|:|||||||:|:| ||||::||::|::||| |||::
Db       871 MPSVPSIESSVSVFLTSLQLEHLIDLFEREQITMDILAEMGHEDLKQVGVSAYGFRHKIL 930

Qy      1002 KGVERL-ISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAG 1060
             ||:  |  :   || |         ||:|:|| |||||| :||||||:|:|||||  ||:|
Db       931 KGIATLRATTGLGLTP-------NPGTLLVDLLPDDKEFLAVEEEMQATIREHRDNGHSG 983

Qy      1061 GIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDE 1120
             | ||||||::|||| |:|||||| |||:|:|||| : |:||||||||||:|||: |||||
Db       984 GYFNRYNIVRIQKVQNRKLWERYVHRRQEISEENGHQASERMLFHGSPFINAIVQKGFDE 1043

Qy      1121 RHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKS 1180
             |||||||||||||||||:|||||||||||||| ||| |||:||| |||||| ||| ||||
Db      1044 RHAYIGGMFGAGIYFAEHSSKSNQYVYGIGGGIGCPTHKDKSCYQCHRQLLLCRVALGKS 1103

Qy      1181 FLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
             |||||||||||:||||||| ||||  ||   |||:|||||||||||||||| :|:   :|
Db      1104 FLQFSAMKMAHAPPGHHSVIGRPSAGGLHFPEYVVYRGEQAYPEYLITYQIAKPDDGANG 1163


RESULT 12
Q9VBP3_DROME
```

```
ID   Q9VBP3_DROME   PRELIMINARY;   PRT;  1181 AA.
AC   Q9VBP3;
DT   01-MAY-2000, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   01-MAY-2000, sequence version 1.
DT   07-FEB-2006, entry version 32.
DE   CG4719-PA.
GN   Name=tankyrase; ORFNames=Dmel_CG4719;
OS   Drosophila melanogaster (Fruit fly).
OC   Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Hexapoda; Insecta; Pterygota;
OC   Neoptera; Endopterygota; Diptera; Brachycera; Muscomorpha;
OC   Ephydroidea; Drosophilidae; Drosophila.
OX   NCBI_TaxID=7227;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RX   MEDLINE=20196006; PubMed=10731132; DOI=10.1126/science.287.5461.2185;
RA   Adams M.D., Celniker S.E., Holt R.A., Evans C.A., Gocayne J.D.,
RA   Amanatides P.G., Scherer S.E., Li P.W., Hoskins R.A., Galle R.F.,
RA   George R.A., Lewis S.E., Richards S., Ashburner M., Henderson S.N.,
RA   Sutton G.G., Wortman J.R., Yandell M.D., Zhang Q., Chen L.X.,
RA   Brandon R.C., Rogers Y.-H.C., Blazej R.G., Champe M., Pfeiffer B.D.,
RA   Wan K.H., Doyle C., Baxter E.G., Helt G., Nelson C.R., Miklos G.L.G.,
RA   Abril J.F., Agbayani A., An H.-J., Andrews-Pfannkoch C., Baldwin D.,
RA   Ballew R.M., Basu A., Baxendale J., Bayraktaroglu L., Beasley E.M.,
RA   Beeson K.Y., Benos P.V., Berman B.P., Bhandari D., Bolshakov S.,
RA   Borkova D., Botchan M.R., Bouck J., Brokstein P., Brottier P.,
RA   Burtis K.C., Busam D.A., Butler H., Cadieu E., Center A., Chandra I.,
RA   Cherry J.M., Cawley S., Dahlke C., Davenport L.B., Davies P.,
RA   de Pablos B., Delcher A., Deng Z., Mays A.D., Dew I., Dietz S.M.,
RA   Dodson K., Doup L.E., Downes M., Dugan-Rocha S., Dunkov B.C., Dunn P.,
RA   Durbin K.J., Evangelista C.C., Ferraz C., Ferriera S., Fleischmann W.,
RA   Fosler C., Gabrielian A.E., Garg N.S., Gelbart W.M., Glasser K.,
RA   Glodek A., Gong F., Gorrell J.H., Gu Z., Guan P., Harris M.,
RA   Harris N.L., Harvey D.A., Heiman T.J., Hernandez J.R., Houck J.,
RA   Hostin D., Houston K.A., Howland T.J., Wei M.-H., Ibegwam C.,
RA   Jalali M., Kalush F., Karpen G.H., Ke Z., Kennison J.A., Ketchum K.A.,
RA   Kimmel B.E., Kodira C.D., Kraft C., Kravitz S., Kulp D., Lai Z.,
RA   Lasko P., Lei Y., Levitsky A.A., Li J.H., Li Z., Liang Y., Lin X.,
RA   Liu X., Mattei B., McIntosh T.C., McLeod M.P., McPherson D.,
RA   Merkulov G., Milshina N.V., Mobarry C., Morris J., Moshrefi A.,
RA   Mount S.M., Moy M., Murphy B., Murphy L., Muzny D.M., Nelson D.L.,
RA   Nelson D.R., Nelson K.A., Nixon K., Nusskern D.R., Pacleb J.M.,
RA   Palazzolo M., Pittman G.S., Pan S., Pollard J., Puri V., Reese M.G.,
RA   Reinert K., Remington K., Saunders R.D.C., Scheeler F., Shen H.,
RA   Shue B.C., Siden-Kiamos I., Simpson M., Skupski M.P., Smith T.,
RA   Spier E., Spradling A.C., Stapleton M., Strong R., Sun E.,
RA   Svirskas R., Tector C., Turner R., Venter E., Wang A.H., Wang X.,
RA   Wang Z.-Y., Wassarman D.A., Weinstock G.M., Weissenbach J.,
RA   Williams S.M., Woodage T., Worley K.C., Wu D., Yang S., Yao Q.A.,
RA   Ye J., Yeh R.-F., Zaveri J.S., Zhan M., Zhang G., Zhao Q., Zheng L.,
RA   Zheng X.H., Zhong F.N., Zhong W., Zhou X., Zhu S., Zhu X., Smith H.O.,
RA   Gibbs R.A., Myers E.W., Rubin G.M., Venter J.C.;
RT   "The genome sequence of Drosophila melanogaster.";
RL   Science 287:2185-2195(2000).
RN   [2]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RX   MEDLINE=22426065; PubMed=12537568;
RA   Celniker S.E., Wheeler D.A., Kronmiller B., Carlson J.W., Halpern A.,
RA   Patel S., Adams M., Champe M., Dugan S.P., Frise E., Hodgson A.,
RA   George R.A., Hoskins R.A., Laverty T., Muzny D.M., Nelson C.R.,
RA   Pacleb J.M., Park S., Pfeiffer B.D., Richards S., Sodergren E.J.,
RA   Svirskas R., Tabor P.E., Wan K., Stapleton M., Sutton G.G., Venter C.,
RA   Weinstock G., Scherer S.E., Myers E.W., Gibbs R.A., Rubin G.M.;
RT   "Finishing a whole-genome shotgun: release 3 of the Drosophila
RT   melanogaster euchromatic genome sequence.";
RL   Genome Biol. 3:RESEARCH0079-RESEARCH0079(2002).
RN   [3]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RX   MEDLINE=22426070; PubMed=12537573;
RA   Kaminker J.S., Bergman C.M., Kronmiller B., Carlson J.W., Svirskas R.,
RA   Patel S., Frise E., Wheeler D.A., Lewis S.E., Rubin G.M.,
RA   Ashburner M., Celniker S.E.;
RT   "The transposable elements of the Drosophila melanogaster euchromatin:
RT   a genomics perspective.";
RL   Genome Biol. 3:RESEARCH0084.1-RESEARCH0084.20(2002).
RN   [4]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RX   MEDLINE=22426069; PubMed=12537572;
RA   Misra S., Crosby M.A., Mungall C.J., Matthews B.B., Campbell K.S.,
RA   Hradecky P., Huang Y., Kaminker J.S., Millburn G.H., Prochnik S.E.,
RA   Smith C.D., Tupy J.L., Whitfield E.J., Bayraktaroglu L., Berman B.P.,
RA   Bettencourt B.R., Celniker S.E., de Grey A.D.N.J., Drysdale R.A.,
RA   Harris N.L., Richter J., Russo S., Schroeder A.J., Shu S.Q.,
RA   Stapleton M., Yamada C., Ashburner M., Gelbart W.M., Rubin G.M.,
RA   Lewis S.E.;
RT   "Annotation of the Drosophila melanogaster euchromatic genome: a
RT   systematic review.";
RL   Genome Biol. 3:RESEARCH0083.1-RESEARCH0083.22(2002).
RN   [5]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RG   Berkeley Drosophila Genome Project;
RA   Celniker S., Carlson J., Wan K., Pfeiffer B., Frise E., George R.,
RA   Hoskins R., Stapleton M., Pacleb J., Park S., Svirskas R., Smith E.,
RA   Yu C., Rubin G.;
RT   "Drosophila melanogaster release 4 sequence.";
RL   Submitted (MAR-2000) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
RN   [6]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RG   FlyBase;
RL   Submitted (JAN-2006) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; AE003752; AAF56487.1; -; Genomic_DNA.
DR   HSSP; P20749; 1K1B.
DR   FlyBase; FBgn0027508; tankyrase.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   InterPro; IPR001290; PARP.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   InterPro; IPR011510; SAM_2.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 17.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 15.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 14.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ANK repeat; Repeat.
SQ   SEQUENCE   1181 AA;  127945 MW;  EB6F0F94E6A3D504 CRC64;

  Query Match             62.0%;  Score 4005;  DB 2;  Length 1181;
  Best Local Similarity   65.3%;  Pred. No. 7.9e-227;
  Matches  772;  Conservative  166;  Mismatches  189;  Indels   56;  Gaps   13;

Qy         91 AAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEY 150
              |  | :|  |||||||: |:: :||:|:||: ||:||||||||||||||||:||::|||:
Db         17 AVMANDP-LRELFEACKTGEIAKVKKLITPQTVNARDTAGRKSTPLHFAAGYGRREVVEF 75

Qy        151 LLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGK 210
              || :||::|| |:||| |||| ||||||||| |||: || ||  |||||||||||| |||
Db         76 LLNSGASIQACDEGGLHPLHNCCSFGHAEVVRLLLKAGASPNTTDNWNYTPLHEAASKGK 135

Qy        211 IDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMAL 270
              :|||: ||||||  ||||:: :| |:||| : : ||||||:||||||:|||| |::::||
Db        136 VDVCLALLQHGANHTIRNSEQKTPLELADEATRPVLTGEYRKDELLEAARSGAEDRLLAL 195

Qy        271 LTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGH 330
              ||||||||||||||:||||||||||||: ||::|| :|||||||||| ||||||||||||
Db        196 LTPLNVNCHASDGRRSTPLHLAAGYNRIGIVEILLANGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGH 255
```

```
Qy        331 YEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDL 390
              ::||:||:: || ||| ||| ||||||||||:|||||||||| ||||||||||:|||||
Db        256 FDVTKLLIQAGANVNANDLWAFTPLHEAASKSRVEVCSLLLSRGADPTLLNCHSKSAIDA 315

Qy        391 APTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPY 450
              ||| :|:||:|:|:||| || | |: ||:| || :  |:||| || | :| || |  ||
Db        316 APTRELRERIAFEYKGHCLLDACRKCDVSRAKKLVCAEIVNFVHPYTGDTPLHLAVVSPD 375

Qy        451 PKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTS 510
               ||||: ||| |||: :||| | ||||||:|:|  | | :||::|  |||||||:||||
Db        376 GKRKQLMELLTRKGSLLNEKNKAFLTPLHLAAELLHYDAMEVLLKQGAKVNALDSLGQTP 435

Qy        511 LHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQL 570
              ||| |     |  ||||||  |  ||:||:| ||  |: :::| :||:        :::  |
Db        436 LHRCA--RDEQAVRLLLSYAADTNIVSLEGLTAAQLASDSVLKLLK-----NPPDSETHL 488

Qy        571 LEAAKAGDVETVKKLCTVQ--SVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHA 628
              ||||||||::||:::      ||||||::|| |||||||||:||| ||::||:|||:|:|
Db        489 LEAAKAGDLDTVRRIVLNNPISVNCRDLDGRHSTPLHFAAGFNRVPVVQFLLEHGAEVYA 548

Qy        629 KDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQH 688
               ||||||||||||||||||| |||||||| |||:|||||||||||||||||:||||||:|
Db        549 ADKGGLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGANVNVSDLWKFTPLHEAAAKGKYDICKLLLKH 608

Qy        689 GADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRD 748
              |||| |||||| || ||||: | |: :|||| :||||||||| ||||::| :|:::||||
Db        609 GADPMKKNRDGATPADLVKESDHDVAELLRGPSALLDAAKKGNLARVQRLVTPESINCRD 668

Qy        749 TQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKY 808
               |||:|||||||||||| | |||||::||||||||||||||||||:||||:|:||||||:
Db        669 AQGRNSTPLHLAAGYNNFECAEYLLENGADVNAQDKGGLIPLHNASSYGHLDIAALLIKH 728

Qy        809 NACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALL 868
                 ||||||| ||||||||||||||||:|||||||||  :||||||||::| :||||  ||
Db        729 KTVVNATDKWGFTPLHEAAQKGRTQLCSLLLAHGADAYMKNQEGQTPIELATADDVKCLL 788

Qy        869 TAAMPPS----ALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSS--LSAASSLDNLSGSF 922
                ||  |    || |     : :   :| ||| |     || ||  ||  :    |
Db        789 QDAMATSLSQQAL-SASTQSLTSSSPAPDATAAAAPGTSSSSSSAILSPTTETVLLPTGA 847

Qy        923 SELSSV-----VSSS------------GTEGASSLEKKEVPGVD--FSITQFVRNLGLEH 963
              | : ||     :|||            | ||:|| :   :|  |   ::: |: :  | |
Db        848 SMILSVPVPLPLSSSTRISPAQGAEANGAEGSSSDDL--LPDADTITNVSGFLSSQQLHH 905

Qy        964 LMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTS 1023
              |:::|||||||||:| |||| :||::|::||| |||::||: :| |            |:
Db        906 LIELFEREQITLDILAEMGHDDLKQVGVSAYGFRHKILKGIAQLRS------------TT 953

Qy       1024 GSG------TILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNK 1077
              | |      |:|:|| |||||| :||||||:|:||||| | ||| | ||||:::||| |:
Db        954 GIGNNVNLCTLLVDLLPDDKEFVAVEEEMQATIREHRDNGQAGGYFTRYNIIRVQKVQNR 1013

Qy       1078 KLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAE 1137
              |||||| |||:|::|||   :|||||||||||:|||: :|||||||||||||||||||||
Db       1014 KLWERYAHRRQEIAEENFLQSNERMLFHGSPFINAIVQRGFDERHAYIGGMFGAGIYFAE 1073

Qy       1138 NSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHH 1197
              :|||||||||||||| ||| |||:|||:| |||| ||| |||||||:|||||||:|||||
Db       1074 HSSKSNQYVYGIGGGIGCPSHKDKSCYVCPRQLLLCRVALGKSFLQYSAMKMAHAPPGHH 1133

Qy       1198 SVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
              || ||||  ||  ||||:|||||:||||||||||::|:    |
Db       1134 SVVGRPSAGGLHFAEYVVYRGEQSYPEYLITYQIVKPDDSSSG 1176
```

```
RESULT 13
Q9XZ37_DROME
ID   Q9XZ37_DROME    PRELIMINARY;    PRT;  1181 AA.
AC   Q9XZ37;
DT   01-NOV-1999, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   01-NOV-1999, sequence version 1.
DT   07-FEB-2006, entry version 26.
DE   Hypothetical protein.
GN   Name=tankyrase; ORFNames=CG4719;
OS   Drosophila melanogaster (Fruit fly).
OC   Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Hexapoda; Insecta; Pterygota;
OC   Neoptera; Endopterygota; Diptera; Brachycera; Muscomorpha;
OC   Ephydroidea; Drosophilidae; Drosophila.
OX   NCBI_TaxID=7227;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RA   Rubin G.M., Wan K.H., Harvey D., Lewis S.E., Brokstein P., Tsang G.,
RA   Agbayani A., Arcaina T.T., Baxter E., Blazej R.G., Butenhoff C.,
RA   Champe M., Chavez C., Chew M., Doyle C.M., Farfan D.E., Frise E.,
RA   Galle R., George R.A., Harris N.L., Hoskins R.A., Evans-Holm M.,
RA   Houston K.A., Hummasti S.R., Kim E., Li P., Moshrefi M., Pacleb J.M.,
RA   Park S., Sequeira A., Sethi H., Snir E., Svirskas R.R., Weinburg T.,
RA   Celniker S.E.;
RL   Submitted (MAR-1999) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; AF132196; AAD34784.1; -; mRNA.
DR   HSSP; P20749; 1K1B.
DR   FlyBase; FBgn0027508; tankyrase.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   InterPro; IPR001290; PARP.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   InterPro; IPR001660; SAM.
DR   InterPro; IPR011510; SAM_2.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 17.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   Pfam; PF07647; SAM_2; 1.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 15.
DR   SMART; SM00454; SAM; 1.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 14.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
DR   PROSITE; PS50105; SAM_DOMAIN; 1.
KW   ANK repeat; Hypothetical protein; Repeat.
SQ   SEQUENCE   1181 AA;  127885 MW;  4E2BF31549BBA2D9 CRC64;

  Query Match             61.8%;  Score 3997;  DB 2;  Length 1181;
  Best Local Similarity   65.2%;  Pred. No. 2.4e-226;
  Matches  771;  Conservative  166;  Mismatches  190;  Indels   56;  Gaps   13;

Qy         91 AAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEY 150
              |  | :|  ||| |||: |:: :||:|:||: ||:||||||||||||||||:||::|||:
Db         17 AVMANDP-LRELSEACKTGEIAKVKKLITPQTVNARDTAGRKSTPLHFAAGYGRREVVEF 75

Qy        151 LLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGK 210
              || :||::|| |:||| |||| ||||||||| |||: || ||  |||||||||||| |||
Db         76 LLNSGASIQACDEGGLHPLHNCCSFGHAEVVRLLLKAGASPNTTDNWNYTPLHEAASKGK 135

Qy        211 IDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMAL 270
              :|||: ||||||  ||||:: :| |:||| : : ||||||:||||||:|||| |::::||
Db        136 VDVCLALLQHGANHTIRNSEQKTPLELADEATRPVLTGEYRKDELLEAARSGAEDRLLAL 195

Qy        271 LTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGH 330
              ||||||||||||||:||||||||||||: ||::|| :|||||||||| ||||||||||||
Db        196 LTPLNVNCHASDGRRSTPLHLAAGYNRIGIVEILLANGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGH 255

Qy        331 YEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDL 390
              ::||:||:: || ||| ||| ||||||||||:|||||||||| ||||||||||:|||||
Db        256 FDVTKLLIQAGANVNANDLWAFTPLHEAASKSRVEVCSLLLSRGADPTLLNCHSKSAIDA 315

Qy        391 APTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPY 450
              ||| :|:||:|:|:||| || | |: ||:| || :  |:||| || | :| || |  ||
Db        316 APTRELRERIAFEYKGHCLLDACRKCDVSRAKKLVCAEIVNFVHPYTGDTPLHLAVVSPD 375
```

```
Qy        451 PKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTS 510
               ||||: ||| |||: :||| | ||||||:|:|  | | :||::|  |||||||:|||| 
Db        376 GKRKQLMELLTRKGSLLNEKNKAFLTPLHLAAELLHYDAMEVLLKQGAKVNALDSLGQTP 435

Qy        511 LHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQL 570
              ||| |     |  ||||||  | ||:||:| || |: :::| :||:        :::  |
Db        436 LHRCA--RDEQAVRLLLSYAADTNIVSLEGLTAAQLASDSVLKLLK-----NPPDSETHL 488

Qy        571 LEAAKAGDVETVKKLCTVQ--SVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHA 628
              ||||||||::||:::      ||||||::|| |||||||||:||| ||::||:|||:|:|
Db        489 LEAAKAGDLDTVRRIVLNNPISVNCRDLDGRHSTPLHFAAGFNRVPVVQFLLEHGAEVYA 548

Qy        629 KDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQH 688
               ||||||||||||||||||| |||||||| |||:|||||||||||||||||:||||||:|
Db        549 ADKGGLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGANVNVSDLWKFTPLHEAAAKGKYDICKLLLKH 608

Qy        689 GADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRD 748
              |||| |||||| || ||||: | |: :|||| :||||||||| ||||::| :|:::||||
Db        609 GADPMKKNRDGATPADLVKESDHDVAELLRGPSALLDAAKKGNLARVQRLVTPESINCRD 668

Qy        749 TQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKY 808
               |||:|||||||||||| | |||||::||||||||||||||||||:||||:|:||||||:
Db        669 AQGRNSTPLHLAAGYNNFECAEYLLENGADVNAQDKGGLIPLHNASSYGHLDIAALLIKH 728

Qy        809 NACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALL 868
                 ||||||| ||||||||||||||||:||||||||  :||||||||::| :||||  ||
Db        729 KTVVNATDKWGFTPLHEAAQKGRTQLCSLLLAHGADAYMKNQEGQTPIELATADDVKCLL 788

Qy        869 TAAMPPS----ALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSS--LSAASSLDNLSGSF 922
                ||  |    || |     : :   :| ||| |     || ||  ||  :    |
Db        789 QDAMATSLSQQAL-SASTQSLTSSSPAPDATAAAAPGTSSSSSSAILSPTTETVLLPTGA 847

Qy        923 SELSSV-----VSSS------------GTEGASSLEKKEVPGVD--FSITQFVRNLGLEH 963
              | : ||     :|||            | ||:|| :   :|  |   ::: |: :  | |
Db        848 SMILSVPVPLPLSSSTRISPAQGAEANGAEGSSSDDL--LPDADTITNVSGFLSSQQLHH 905

Qy        964 LMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTS 1023
              |:::|||||||||:| |||| :||::|::||| |||::||: :| |            |:
Db        906 LIELFEREQITLDILAEMGHDDLKQVGVSAYGFRHKILKGIAQLRS------------TT 953

Qy       1024 GSG------TILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNK 1077
              | |      |:|:|| |||||| :||||||:|:||||| | ||| | ||||:::||| |:
Db        954 GIGNNVNLCTLLVDLLPDDKEFVAVEEEMQATIREHRDNGQAGGYFTRYNIIRVQKVQNR 1013

Qy       1078 KLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAE 1137
              |||||| |||:|::|||   :||||||||||||:|||: :||||||||||||||||||||
Db       1014 KLWERYAHRRQEIAEENFLQSNERMLFHGSPFINAIVQRGFDERHAYIGGMFGAGIYFAE 1073

Qy       1138 NSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHH 1197
              :|||||||||||||| ||| |||:|||:| |||| ||| |||||||:|||||||:|||||
Db       1074 HSSKSNQYVYGIGGGIGCPSHKDKSCYVCPRQLLLCRVALGKSFLQYSAMKMAHAPPGHH 1133

Qy       1198 SVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
              || ||||  ||  ||||:|||||:||||||||||::|:    |
Db       1134 SVVGRPSAGGLHFAEYVVYRGEQSYPEYLITYQIVKPDDSSSG 1176

RESULT 14
Q4S372_TETNG
ID   Q4S372_TETNG    PRELIMINARY;    PRT;  1047 AA.
AC   Q4S372;
DT   19-JUL-2005, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   19-JUL-2005, sequence version 1.
DT   07-FEB-2006, entry version 5.
DE   Chromosome 4 SCAF14752, whole genome shotgun sequence. (Fragment).
GN   ORFNames=GSTENG00024768001;
OS   Tetraodon nigroviridis (Green puffer).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Euteleostei; Neoteleostei;
OC   Acanthomorpha; Acanthopterygii; Percomorpha; Tetraodontiformes;
OC   Tetraodontoidea; Tetraodontidae; Tetraodon.
OX   NCBI_TaxID=99883;
RN   [1]
```

```
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RX   PubMed=15496914; DOI=10.1038/nature03025;
RA   Jaillon O., Aury J.-M., Brunet F., Petit J.-L., Stange-Thomann N.,
RA   Mauceli E., Bouneau L., Fischer C., Ozouf-Costaz C., Bernot A.,
RA   Nicaud S., Jaffe D., Fisher S., Lutfalla G., Dossat C., Segurens B.,
RA   Dasilva C., Salanoubat M., Levy M., Boudet N., Castellano S.,
RA   Anthouard V., Jubin C., Castelli V., Katinka M., Vacherie B.,
RA   Biemont C., Skalli Z., Cattolico L., Poulain J., De Berardinis V.,
RA   Cruaud C., Duprat S., Brottier P., Coutanceau J.-P., Gouzy J.,
RA   Parra G., Lardier G., Chapple C., McKernan K.J., McEwan P., Bosak S.,
RA   Kellis M., Volff J.-N., Guigo R., Zody M.C., Mesirov J.,
RA   Lindblad-Toh K., Birren B., Nusbaum C., Kahn D., Robinson-Rechavi M.,
RA   Laudet V., Schachter V., Quetier F., Saurin W., Scarpelli C.,
RA   Wincker P., Lander E.S., Weissenbach J., Roest Crollius H.;
RT   "Genome duplication in the teleost fish Tetraodon nigroviridis reveals
RT   the early vertebrate proto-karyotype.";
RL   Nature 431:946-957(2004).
RN   [2]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RG   Genoscope; Whitehead Institute Centre for Genome Research;
RL   Submitted (FEB-2004) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -!- CAUTION: The sequence shown here is derived from an
CC       EMBL/GenBank/DDBJ whole genome shotgun (WGS) entry which is
CC       preliminary data.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; CAAE01014752; CAG04910.1; -; Genomic_DNA.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003950; F:NAD+ ADP-ribosyltransferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006471; P:protein amino acid ADP-ribosylation; IEA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   InterPro; IPR012317; PARP_catalytic.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 13.
DR   Pfam; PF00644; PARP; 1.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 9.
DR   PROSITE; PS50297; ANK_REP_REGION; 1.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 10.
DR   PROSITE; PS51059; PARP_CATALYTIC; 1.
KW   ANK repeat.
FT   NON_TER    1047   1047
SQ   SEQUENCE   1047 AA;  114477 MW;  09E9D3AE198C75E7 CRC64;

  Query Match             51.4%;  Score 3324;  DB 2;  Length 1047;
  Best Local Similarity   60.5%;  Pred. No. 9.1e-187;
  Matches  682;  Conservative   73;  Mismatches  135;  Indels  238;  Gaps   19;

Qy        248 GEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQH 307
              ||||||||||:||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||
Db         18 GEYKKDELLEAARSGNEEKLMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQH 77

Qy        308 GADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVK---------------------------- 339
              |||||||||| |||||||||||||||||||:|
Db         78 GADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVTELLLKVHTHTHTRAQTHTGCYEWTLARPLTLEA 137

Qy        340 ------HGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPT 393
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||:||::|:|||
Db        138 ETVSPQHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSHGADPTLLNCHSKSSVDMAPT 197

Qy        394 PQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKR 453
              |:||||| ||||||||||||||||| : || | ||::||||| ||||||
Db        198 PELKERLTYEFKGHSLLQAAREADVAKAKKSLVLEIINFKHPHTHETAL----------- 246

Qy        454 KQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEK----AHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQT 509
                                      || :: :    ||||::||: || ||||||| ||||
Db        247 ------------------------LHDSASRGCGGAHNDIMEVLQKHGAKVNALDTLGQT 282

Qy        510 SLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQ 569
              :|||||  ||| |||||| || | :::||||||| ||||| |||:| | : : ||: | :
Db        283 ALHRAAMAGHLHTCRLLLGYGADASLVSLQGFTAAQMGNEAVQQILSENVPVRNSDVDYR 342
```

```
Qy        570 LLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAK 629
              |||||||||::||| ||| |:|||||:||| |||||||||||||||||||| ||||||||
Db        343 LLEAAKAGDLDTVKSLCTPQNVNCRDLEGRHSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLHHGADVHAK 402

Qy        630 DKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHG 689
              ||||||||||||||||||||||||:||| ||||||||||||||||||||||||||||:||
Db        403 DKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLKHG 462

Qy        690 ADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDT 749
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|| ||||:|||||
Db        463 ADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVQKLCSPDNINCRDT 522

Qy        750 QGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYN 809
              |||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||:||||||:|
Db        523 QGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDIAALLIKHN 582

Qy        810 ACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS--------- 860
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||::|||||||||| :
Db        583 TCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTMRNQEGQTPLDLATAPVVFRDQR 642

Qy        861 -------------ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPS 907
                           |||: |||  |||| ||||| |||         ||    | |
Db        643 MYDDSVSVPPPSQADDIRALLIDAMPPDALPSCLKPQ---------ATVVRWSGG----- 688

Qy        908 SLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVP---------GVDFSITQFVRN 958
                      |   |  :   :|:   | :          |         | |  : |
Db        689 --ECQHRCDRRRGHLAVPVAVLPVGGQQHRQPDHAPRRPHGGRGHRISGRDVRVRQ---- 742

Qy        959 LGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYL 1018
                                   | | :  :     | || |: :
Db        743 ---------------------EGGRRYRRAF---AAGHDHQPLP---------------- 762

Qy       1019 TLNTSGSGTILIDLSPDDKEF----------QSVEEEMQSTVR--EHRDGGH--AGGIFN 1064
                  ||:||    | |:  :|          :  | :    :|     | ||  | |
Db        763 --EESGAGTPPRHL-PERADFSPGRAGRHGARRAEGDRHQRLRPPAQADQGHREAAGRTA 819

Qy       1065 RYN------ILKIQK-------------VCNKKLWE------RYTHRRKEVSEENHNHAN 1099
              |:       :|:                ||     |      |:  ||: :    |:
Db        820 RWKPVPDLPLLRPGNRPDRPGSRRQGVPVCGGGAAEHHPRAPRWRERRRSLQPLQHHQGV 879

Qy       1100 ERMLF--------------------HGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENS 1139
              :   |                     ||||:|||||||||||||||||||||||||||||
Db        880 KAGCFRAADRDEPALTKVCFLLADSEGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENS 939

Qy       1140 SKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICH------------RQLLFCRVTLGKSFLQFSAM 1187
              ||||||||||||||||| |||||||:||            ||:|||||||||||||||||
Db        940 SKSNQYVYGIGGGTGCPAHKDRSCYVCHRSADVNGGCLCARQMLFCRVTLGKSFLQFSAM 999

Qy       1188 KMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPE 1235
              ||||:||||||| ||||||||| |||||||||||||||||||||::||
Db       1000 KMAHAPPGHHSVIGRPSVNGLAYAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIVKPE 1047

RESULT 15
Q8BXH7_MOUSE
ID   Q8BXH7_MOUSE   PRELIMINARY;   PRT;   601 AA.
AC   Q8BXH7;
DT   01-MAR-2003, integrated into UniProtKB/TrEMBL.
DT   11-OCT-2005, sequence version 2.
DT   07-FEB-2006, entry version 18.
DE   10 days neonate cerebellum cDNA, RIKEN full-length enriched library,
DE   clone:B930018O21 product:TANKYRASE-RELATED PROTEIN homolog (Fragment).
OS   Mus musculus (Mouse).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC   Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia; Sciurognathi;
OC   Muroidea; Muridae; Murinae; Mus.
OX   NCBI_TaxID=10090;
RN   [1]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Cerebellum;
RX   MEDLINE=99279253; PubMed=10349636; DOI=10.1016/S0076-6879(99)03004-9;
RA   Carninci P., Hayashizaki Y.;
RT   "High-efficiency full-length cDNA cloning.";
RL   Methods Enzymol. 303:19-44(1999).
RN   [2]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Cerebellum;
RX   PubMed=16141072; DOI=10.1126/science.1112014;
RA   Carninci P., Kasukawa T., Katayama S., Gough J., Frith M.C., Maeda N.,
RA   Oyama R., Ravasi T., Lenhard B., Wells C., Kodzius R., Shimokawa K.,
RA   Bajic V.B., Brenner S.E., Batalov S., Forrest A.R., Zavolan M.,
RA   Davis M.J., Wilming L.G., Aidinis V., Allen J.E.,
RA   Ambesi-Impiombato A., Apweiler R., Aturaliya R.N., Bailey T.L.,
RA   Bansal M., Baxter L., Beisel K.W., Bersano T., Bono H., Chalk A.M.,
RA   Chiu K.P., Choudhary V., Christoffels A., Clutterbuck D.R.,
RA   Crowe M.L., Dalla E., Dalrymple B.P., de Bono B., Della Gatta G.,
RA   di Bernardo D., Down T., Engstrom P., Fagiolini M., Faulkner G.,
RA   Fletcher C.F., Fukushima T., Furuno M., Futaki S., Gariboldi M.,
RA   Georgii-Hemming P., Gingeras T.R., Gojobori T., Green R.E.,
RA   Gustincich S., Harbers M., Hayashi Y., Hensch T.K., Hirokawa N.,
RA   Hill D., Huminiecki L., Iacono M., Ikeo K., Iwama A., Ishikawa T.,
RA   Jakt M., Kanapin A., Katoh M., Kawasawa Y., Kelso J., Kitamura H.,
RA   Kitano H., Kollias G., Krishnan S.P., Kruger A., Kummerfeld S.K.,
RA   Kurochkin I.V., Lareau L.F., Lazarevic D., Lipovich L., Liu J.,
RA   Liuni S., McWilliam S., Madan Babu M., Madera M., Marchionni L.,
RA   Matsuda H., Matsuzawa S., Miki H., Mignone F., Miyake S., Morris K.,
RA   Mottagui-Tabar S., Mulder N., Nakano N., Nakauchi H., Ng P.,
RA   Nilsson R., Nishiguchi S., Nishikawa S., Nori F., Ohara O.,
RA   Okazaki Y., Orlando V., Pang K.C., Pavan W.J., Pavesi G., Pesole G.,
RA   Petrovsky N., Piazza S., Reed J., Reid J.F., Ring B.Z., Ringwald M.,
RA   Rost B., Ruan Y., Salzberg S.L., Sandelin A., Schneider C.,
RA   Schonbach C., Sekiguchi K., Semple C.A., Seno S., Sessa L., Sheng Y.,
RA   Shibata Y., Shimada H., Shimada K., Silva D., Sinclair B.,
RA   Sperling S., Stupka E., Sugiura K., Sultana R., Takenaka Y., Taki K.,
RA   Tammoja K., Tan S.L., Tang S., Taylor M.S., Tegner J., Teichmann S.A.,
RA   Ueda H.R., van Nimwegen E., Verardo R., Wei C.L., Yagi K.,
RA   Yamanishi H., Zabarovsky E., Zhu S., Zimmer A., Hide W., Bult C.,
RA   Grimmond S.M., Teasdale R.D., Liu E.T., Brusic V., Quackenbush J.,
RA   Wahlestedt C., Mattick J.S., Hume D.A., Kai C., Sasaki D., Tomaru Y.,
RA   Fukuda S., Kanamori-Katayama M., Suzuki M., Aoki J., Arakawa T.,
RA   Iida J., Imamura K., Itoh M., Kato T., Kawaji H., Kawagashira N.,
RA   Kawashima T., Kojima M., Kondo S., Konno H., Nakano K., Ninomiya N.,
RA   Nishio T., Okada M., Plessy C., Shibata K., Shiraki T., Suzuki S.,
RA   Tagami M., Waki K., Watahiki A., Okamura-Oho Y., Suzuki H., Kawai J.,
RA   Hayashizaki Y.;
RT   "The transcriptional landscape of the mammalian genome.";
RL   Science 309:1559-1563(2005).
RN   [3]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Cerebellum;
RX   PubMed=16141073; DOI=10.1126/science.1112009;
RG   RIKEN Genome Exploration Research Group, and Genome Science Group
RG   (Genome Network Core Team) and the FANTOM Consortium;
RT   "Antisense Transcription in the Mammalian Transcriptome.";
RL   Science 309:1564-1566(2005).
RN   [4]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Cerebellum;
RX   MEDLINE=22354683; PubMed=12466851; DOI=10.1038/nature01266;
RA   Okazaki Y., Furuno M., Kasukawa T., Adachi J., Bono H., Kondo S.,
RA   Nikaido I., Osato N., Saito R., Suzuki H., Yamanaka I., Kiyosawa H.,
RA   Yagi K., Tomaru Y., Hasegawa Y., Nogami A., Schonbach C., Gojobori T.,
RA   Baldarelli R., Hill D.P., Bult C., Hume D.A., Quackenbush J.,
RA   Schriml L.M., Kanapin A., Matsuda H., Batalov S., Beisel K.W.,
RA   Blake J.A., Bradt D., Brusic V., Chothia C., Corbani L.E., Cousins S.,
RA   Dalla E., Dragani T.A., Fletcher C.F., Forrest A., Frazer K.S.,
RA   Gaasterland T., Gariboldi M., Gissi C., Godzik A., Gough J.,
RA   Grimmond S., Gustincich S., Hirokawa N., Jackson I.J., Jarvis E.D.,
RA   Kanai A., Kawaji H., Kawasawa Y., Kedzierski R.M., King B.L.,
RA   Konagaya A., Kurochkin I.V., Lee Y., Lenhard B., Lyons P.A.,
RA   Maglott D.R., Maltais L., Marchionni L., McKenzie L., Miki H.,
RA   Nagashima T., Numata K., Okido T., Pavan W.J., Pertea G., Pesole G.,
RA   Petrovsky N., Pillai R., Pontius J.U., Qi D., Ramachandran S.,
RA   Ravasi T., Reed J.C., Reed D.J., Reid J., Ring B.Z., Ringwald M.,
RA   Sandelin A., Schneider C., Semple C.A., Setou M., Shimada K.,
RA   Sultana R., Takenaka Y., Taylor M.S., Teasdale R.D., Tomita M.,
RA   Verardo R., Wagner L., Wahlestedt C., Wang Y., Watanabe Y., Wells C.,
RA   Wilming L.G., Wynshaw-Boris A., Yanagisawa M., Yang I., Yang L.,
RA   Yuan Z., Zavolan M., Zhu Y., Zimmer A., Carninci P., Hayatsu N.,
RA   Hirozane-Kishikawa T., Konno H., Nakamura M., Sakazume N., Sato K.,
RA   Shiraki T., Waki K., Kawai J., Aizawa K., Arakawa T., Fukuda S.,
RA   Hara A., Hashizume W., Imotani K., Ishii Y., Itoh M., Kagawa I.,
RA   Miyazaki A., Sakai K., Sasaki D., Shibata K., Shinagawa A.,
RA   Yasunishi A., Yoshino M., Waterston R., Lander E.S., Rogers J.,
RA   Birney E., Hayashizaki Y.;
RT   "Analysis of the mouse transcriptome based on functional annotation of
RT   60,770 full-length cDNAs.";
RL   Nature 420:563-573(2002).
RN   [5]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Cerebellum;
RX   MEDLINE=21085660; PubMed=11217851; DOI=10.1038/35055500;
RA   Kawai J., Shinagawa A., Shibata K., Yoshino M., Itoh M., Ishii Y.,
RA   Arakawa T., Hara A., Fukunishi Y., Konno H., Adachi J., Fukuda S.,
RA   Aizawa K., Izawa M., Nishi K., Kiyosawa H., Kondo S., Yamanaka I.,
RA   Saito T., Okazaki Y., Gojobori T., Bono H., Kasukawa T., Saito R.,
RA   Kadota K., Matsuda H.A., Ashburner M., Batalov S., Casavant T.,
RA   Fleischmann W., Gaasterland T., Gissi C., King B., Kochiwa H.,
RA   Kuehl P., Lewis S., Matsuo Y., Nikaido I., Pesole G., Quackenbush J.,
RA   Schriml L.M., Staubli F., Suzuki R., Tomita M., Wagner L., Washio T.,
RA   Sakai K., Okido T., Furuno M., Aono H., Baldarelli R., Barsh G.,
RA   Blake J., Boffelli D., Bojunga N., Carninci P., de Bonaldo M.F.,
RA   Brownstein M.J., Bult C., Fletcher C., Fujita M., Gariboldi M.,
RA   Gustincich S., Hill D., Hofmann M., Hume D.A., Kamiya M., Lee N.H.,
RA   Lyons P., Marchionni L., Mashima J., Mazzarelli J., Mombaerts P.,
RA   Nordone P., Ring B., Ringwald M., Rodriguez I., Sakamoto N.,
RA   Sasaki H., Sato K., Schoenbach C., Seya T., Shibata Y., Storch K.-F.,
RA   Suzuki H., Toyo-oka K., Wang K.H., Weitz C., Whittaker C., Wilming L.,
RA   Wynshaw-Boris A., Yoshida K., Hasegawa Y., Kawaji H., Kohtsuki S.,
RA   Hayashizaki Y.;
RT   "Functional annotation of a full-length mouse cDNA collection.";
RL   Nature 409:685-690(2001).
RN   [6]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Cerebellum;
RX   MEDLINE=20499374; PubMed=11042159; DOI=10.1101/gr.145100;
RA   Carninci P., Shibata Y., Hayatsu N., Sugahara Y., Shibata K., Itoh M.,
RA   Konno H., Okazaki Y., Muramatsu M., Hayashizaki Y.;
RT   "Normalization and subtraction of cap-trapper-selected cDNAs to
RT   prepare full-length cDNA libraries for rapid discovery of new genes.";
RL   Genome Res. 10:1617-1630(2000).
RN   [7]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Cerebellum;
RX   MEDLINE=20530913; PubMed=11076861; DOI=10.1101/gr.152600;
RA   Shibata K., Itoh M., Aizawa K., Nagaoka S., Sasaki N., Carninci P.,
RA   Konno H., Akiyama J., Nishi K., Kitsunai T., Tashiro H., Itoh M.,
RA   Sumi N., Ishii Y., Nakamura S., Hazama M., Nishine T., Harada A.,
RA   Yamamoto R., Matsumoto H., Sakaguchi S., Ikegami T., Kashiwagi K.,
RA   Fujiwake S., Inoue K., Togawa Y., Izawa M., Ohara E., Watahiki M.,
RA   Yoneda Y., Ishikawa T., Ozawa K., Tanaka T., Matsuura S., Kawai J.,
RA   Okazaki Y., Muramatsu M., Inoue Y., Kira A., Hayashizaki Y.;
RT   "RIKEN integrated sequence analysis (RISA) system-384-format
RT   sequencing pipeline with 384 multicapillary sequencer.";
RL   Genome Res. 10:1757-1771(2000).
RN   [8]
RP   NUCLEOTIDE SEQUENCE.
RC   STRAIN=C57BL/6J; TISSUE=Cerebellum;
RA   Adachi J., Aizawa K., Akimura T., Arakawa T., Bono H., Carninci P.,
RA   Fukuda S., Furuno M., Hanagaki T., Hara A., Hashizume W.,
RA   Hayashida K., Hayatsu N., Hiramoto K., Hiraoka T., Hirozane T.,
RA   Hori F., Imotani K., Ishii Y., Itoh M., Kagawa I., Kasukawa T.,
RA   Katoh H., Kawai J., Kojima Y., Kondo S., Konno H., Kouda M., Koya S.,
RA   Kurihara C., Matsuyama T., Miyazaki A., Murata M., Nakamura M.,
RA   Nishi K., Nomura K., Numazaki R., Ohno M., Ohsato N., Okazaki Y.,
RA   Saito R., Saitoh H., Sakai C., Sakai K., Sakazume N., Sano H.,
RA   Sasaki D., Shibata K., Shinagawa A., Shiraki T., Sogabe Y., Tagami M.,
RA   Tagawa A., Takahashi F., Takaku-Akahira S., Takeda Y., Tanaka T.,
RA   Tomaru A., Toya T., Yasunishi A., Muramatsu M., Hayashizaki Y.;
```

```
RL   Submitted (JUL-2001) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -----------------------------------------------------------------------
CC   Copyrighted by the UniProt Consortium, see http://www.uniprot.org/terms
CC   Distributed under the Creative Commons Attribution-NoDerivs License
CC   -----------------------------------------------------------------------
DR   EMBL; AK047094; BAC32960.2; -; mRNA.
DR   InterPro; IPR002110; ANK.
DR   Pfam; PF00023; Ank; 13.
DR   PRINTS; PR01415; ANKYRIN.
DR   SMART; SM00248; ANK; 11.
DR   PROSITE; PS50088; ANK_REPEAT; 11.
KW   ANK repeat.
FT   NON_TER    601    601
SQ   SEQUENCE   601 AA;  65378 MW;  F13F667AD865F807 CRC64;

  Query Match             47.4%;  Score 3066;  DB 2;  Length 601;
  Best Local Similarity   97.2%;  Pred. No. 6.3e-172;
  Matches  584;  Conservative    9;  Mismatches    8;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy         75 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 134
              |||||||||||||||| ||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MSGRRCAGGGAACASAGAEAVEPSARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 60

Qy        135 PLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 194
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||| ||||
Db         61 PLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLQHGAHPNAR 120

Qy        195 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 254
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||:||
Db        121 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGDYKEDE 180

Qy        255 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 314
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||| ||||||||
Db        181 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAEYNRVKIVQLLLHHGADVHAK 240

Qy        315 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 374
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||
Db        241 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRIEVCSLLLSYG 300

Qy        375 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 434
              ||||||||||||||||||| ||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTAQLKERLSYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 360

Qy        435 PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVV 494
              |||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||| ||||||||||
Db        361 PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANTNEKTKEFLTPLHVASENAHNDVVEVVV 420

Qy        495 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 554
              ||||||||||:||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 KHEAKVNALDSLGQTSLHRAAHCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 480

Qy        555 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 614
              |||| |||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 LQEGASLGHSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 540

Qy        615 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 674
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 600

Qy        675 A 675
              |
Db        601 A 601


Search completed: December 18, 2006, 17:34:36
Job time : 254 secs
```

```
                 GenCore version 5.1.9
          Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.

OM protein - protein search, using sw model

Run on:          December 18, 2006, 17:34:55 ; Search time 41.423 Seconds
                                              (without alignments)
                                             2620.235 Million cell updates/sec

Title:           US-10-616-101-4
Perfect score:   6464
Sequence:        1 RCSARRGAAGGQGAQRGARV..........AYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240

Scoring table:   BLOSUM62
                 Gapop 10.0 , Gapext 0.5

Searched:        650591 seqs, 87530628 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      650591

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       Issued_Patents_AA:*
                 1:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/iaa/5_COMB.pep:*
                 2:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/iaa/6_COMB.pep:*
                 3:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/iaa/7_COMB.pep:*
                 4:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/iaa/H_COMB.pep:*
                 5:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/iaa/PCTUS_COMB.pep:*
                 6:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/iaa/RE_COMB.pep:*
                 7:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/iaa/backfiles1.pep:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                                    SUMMARIES
                  %
Result           Query
  No.    Score   Match Length DB  ID                         Description
 ---------------------------------------------------------------------------
     1    6464   100.0   1240  2  US-09-696-668-4             Sequence 4, Appli
     2    6464   100.0   1240  2  US-09-843-159B-4            Sequence 4, Appli
     3    6108    94.5   1166  2  US-09-972-115A-6            Sequence 6, Appli
     4    6053    93.6   1166  2  US-09-350-982C-5            Sequence 5, Appli
     5    5877    90.9   1227  2  US-09-849-602-26            Sequence 26, Appl
     6    5766    89.2   1100  2  US-09-696-668-3             Sequence 3, Appli
     7    5766    89.2   1100  2  US-09-843-159B-3            Sequence 3, Appli
     8    5760    89.1   1100  2  US-09-843-159B-9            Sequence 9, Appli
     9  5731.5    88.7   1100  2  US-09-427-154-2             Sequence 2, Appli
    10    5656    87.5   1083  2  US-09-843-159B-10           Sequence 10, Appl
    11    5452    84.3   1267  2  US-09-972-115A-4            Sequence 4, Appli
    12  5103.5    79.0   1327  2  US-09-196-387-2             Sequence 2, Appli
    13  5103.5    79.0   1327  2  US-09-841-835-2             Sequence 2, Appli
    14  5103.5    79.0   1327  2  US-09-972-115A-8            Sequence 8, Appli
    15  5031.5    77.8   1333  2  US-09-972-115A-2            Sequence 2, Appli
    16    3938    60.9    802  2  US-09-964-899-41            Sequence 41, Appl
    17    3307    51.2    949  2  US-09-196-387-10            Sequence 10, Appl
    18    3307    51.2    949  2  US-09-841-835-10            Sequence 10, Appl
    19    2913    45.1    583  2  US-09-843-159B-8            Sequence 8, Appli
    20  2132.5    33.0    673  2  US-09-196-387-8             Sequence 8, Appli
    21  2132.5    33.0    673  2  US-09-841-835-8             Sequence 8, Appli
    22   892.5    13.8   4377  2  US-09-949-016-6978          Sequence 6978, Ap
    23   878.5    13.6   1719  2  US-09-949-016-6966          Sequence 6966, Ap
    24   878.5    13.6   1856  2  US-09-949-016-6964          Sequence 6964, Ap
    25   878.5    13.6   1880  2  US-09-949-016-5876          Sequence 5876, Ap
    26   878.5    13.6   1881  2  US-09-949-016-6965          Sequence 6965, Ap
    27   878.5    13.6   1883  2  US-09-949-016-9010          Sequence 9010, Ap
    28   878.5    13.6   1883  2  US-09-949-016-9011          Sequence 9011, Ap
    29   878.5    13.6   1883  2  US-09-949-016-9012          Sequence 9012, Ap
    30   878.5    13.6   1883  2  US-09-949-016-9013          Sequence 9013, Ap
    31   878.5    13.6   1883  2  US-09-949-016-9014          Sequence 9014, Ap
    32   878.5    13.6   1883  2  US-09-949-016-9015          Sequence 9015, Ap
    33   878.5    13.6   1883  2  US-09-949-016-9016          Sequence 9016, Ap
    34   878.5    13.6   1883  2  US-09-949-016-9017          Sequence 9017, Ap
    35     877    13.6   1839  1  US-09-172-977-4             Sequence 4, Appli
    36     877    13.6   1839  2  US-09-404-108-4             Sequence 4, Appli
    37     877    13.6   3924  2  US-09-538-092-1246          Sequence 1246, Ap
    38     874    13.5    160  2  US-09-972-115A-20           Sequence 20, Appl
    39     858    13.3    843  1  US-09-172-977-3             Sequence 3, Appli
    40     858    13.3    843  2  US-09-404-108-3             Sequence 3, Appli
    41     835    12.9   1745  1  US-09-031-485-33            Sequence 33, Appl
    42     835    12.9   1745  1  US-08-847-429A-33           Sequence 33, Appl
    43     835    12.9   1745  2  US-09-065-474-33            Sequence 33, Appl
    44     835    12.9   1745  2  US-09-557-034-33            Sequence 33, Appl
    45   834.5    12.9    199  2  US-09-270-767-45196         Sequence 45196, A

                                   ALIGNMENTS


RESULT 1
US-09-696-668-4
; Sequence 4, Application US/09696668
; Patent No. 6617102
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  APPLICANT:  Ossovskaya, Valeria
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE H, COMPOSITIONS INVOLVED IN THE CELL CYCLE AND METHODS (
;  FILE REFERENCE: A-68292-1/RMS/DHR
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/696,668
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-23
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 11
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 4
;   LENGTH: 1240
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-696-668-4

  Query Match             100.0%;  Score 6464;  DB 2;  Length 1240;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1240;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 RCSARRGAAGGQGAQRGARVGAAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLL 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 RCSARRGAAGGQGAQRGARVGAAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLL 60

Qy         61 RLLALLLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTP 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 RLLALLLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTP 120

Qy        121 EKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 EKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEV 180

Qy        181 VNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADP 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 VNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADP 240

Qy        241 SAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKI 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 SAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKI 300

Qy        301 VQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAAS 360
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          301 VQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAAS 360

Qy          361 KNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTR 420
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          361 KNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTR 420

Qy          421 IKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHV 480
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          421 IKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHV 480

Qy          481 ASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQG 540
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          481 ASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQG 540

Qy          541 FTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQ 600
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          541 FTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQ 600

Qy          601 STPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVN 660
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          601 STPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVN 660

Qy          661 VADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGD 720
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          661 VADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGD 720

Qy          721 AALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVN 780
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          721 AALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVN 780

Qy          781 AQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLA 840
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          781 AQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLA 840

Qy          841 HGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALS 900
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          841 HGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALS 900

Qy          901 SGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLG 960
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          901 SGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLG 960

Qy          961 LEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTL 1020
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          961 LEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTL 1020

Qy         1021 NTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLW 1080
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1021 NTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLW 1080

Qy         1081 ERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSS 1140
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1081 ERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSS 1140

Qy         1141 KSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVT 1200
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1141 KSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVT 1200

Qy         1201 GRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1201 GRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240


RESULT 2
US-09-843-159B-4
; Sequence 4, Application US/09843159B
; Patent No. 6887675
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Yin
;  APPLICANT:  Chan, Evan
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods c
;  FILE REFERENCE: A-68292-2/RMS/DHR
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/843,159B
;  CURRENT FILING DATE:  2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 17
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 4
;   LENGTH: 1240
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-843-159B-4

  Query Match             100.0%;  Score 6464;  DB 2;  Length 1240;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1240;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy            1 RCSARRGAAGGQGAQRGARVGAAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLL 60
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            1 RCSARRGAAGGQGAQRGARVGAAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLL 60

Qy           61 RLLALLLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTP 120
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           61 RLLALLLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTP 120

Qy          121 EKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEV 180
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          121 EKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEV 180

Qy          181 VNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADP 240
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          181 VNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADP 240

Qy          241 SAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKI 300
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          241 SAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKI 300

Qy          301 VQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAAS 360
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          301 VQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAAS 360

Qy          361 KNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTR 420
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          361 KNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTR 420

Qy          421 IKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHV 480
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          421 IKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHV 480

Qy          481 ASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQG 540
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          481 ASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQG 540

Qy          541 FTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQ 600
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          541 FTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQ 600

Qy          601 STPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVN 660
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          601 STPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVN 660

Qy          661 VADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGD 720
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          661 VADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGD 720

Qy          721 AALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVN 780
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          721 AALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVN 780

Qy          781 AQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLA 840
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          781 AQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLA 840

Qy          841 HGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALS 900
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          841 HGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALS 900

Qy          901 SGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLG 960
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          901 SGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLG 960

Qy          961 LEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTL 1020
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          961 LEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTL 1020

Qy         1021 NTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLW 1080
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1021 NTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLW 1080

Qy         1081 ERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSS 1140
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1081 ERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSS 1140

Qy         1141 KSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVT 1200
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1141 KSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVT 1200

Qy         1201 GRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1201 GRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240


RESULT 3
US-09-972-115A-6
; Sequence 6, Application US/09972115A
; Patent No. 6599728
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:  Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 6
;   LENGTH: 1166
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-972-115A-6

  Query Match             94.5%;  Score 6108;  DB 2;  Length 1166;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1166;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy           75 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 134
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            1 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 60

Qy          135 PLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 194
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           61 PLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 120

Qy          195 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 254
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          121 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 180

Qy          255 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 314
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          181 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 240

Qy          315 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 374
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          241 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 300

Qy          375 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 434
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          301 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 360

Qy          435 PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVV 494
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          361 PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVV 420

Qy          495 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 554
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          421 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 480

Qy          555 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 614
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          481 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 540

Qy          615 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 674
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          541 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 600

Qy          675 AKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLAR 734
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          601 AKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLAR 660

Qy          735 VKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAA 794
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          661 VKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAA 720

Qy          795 SYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQT 854
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          721 SYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQT 780

Qy          855 PLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASS 914
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          781 PLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASS 840

Qy          915 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQIT 974
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          841 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQIT 900

Qy          975 LDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP 1034
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          901 LDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP 960

Qy         1035 DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEEN 1094
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          961 DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEEN 1020

Qy         1095 HNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1154
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1021 HNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1080

Qy         1155 CPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYV 1214
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1081 CPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYV 1140

Qy         1215 IYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
                ||||||||||||||||||||||||||
Db         1141 IYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1166


RESULT 4
US-09-350-982C-5
; Sequence 5, Application US/09350982C
; Patent No. 6455290
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT:  Berthelsen, Jens
;  APPLICANT:  Toma, Salvatore
;  APPLICANT:  Isacchi, Antonella
;  TITLE OF INVENTION:   Tankyrase Homolog Protein(THP), Nucleic Acids, and Methods Rela
;  TITLE OF INVENTION:  Same
;  FILE REFERENCE:   PHRM-0043
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/350,982C
;  CURRENT FILING DATE:  1999-07-09
;  NUMBER OF SEQ ID NOS:   10
;  SOFTWARE:   PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO 5
;   LENGTH: 1166
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Artificial
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: misc_feature
;   OTHER INFORMATION: Xaa is any amino acid
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1102)..(1102)
;   OTHER INFORMATION: n is any nucleic acid
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2650)..(2650)
;   OTHER INFORMATION: n is any nucleic acid
US-09-350-982C-5

  Query Match             93.6%;  Score 6053;  DB 2;  Length 1166;
  Best Local Similarity   99.2%;  Pred. No. 0;
  Matches 1157;  Conservative    0;  Mismatches    9;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy         75 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 134
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKST 60

Qy        135 PLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 194
              ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHLAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNAR 120

Qy        195 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 254
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 DNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDE 180

Qy        255 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 314
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 LLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAK 240

Qy        315 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 374
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 DKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYG 300

Qy        375 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 434
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKH 360

Qy        435 PQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVV 494
              ||||||| ||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||| |||||
Db        361 PQTHETAXHCAAASPYPKRKQICELLLRKGAXINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDXVEVVV 420

Qy        495 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 554
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 KHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQL 480

Qy        555 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 614
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 LQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVS 540

Qy        615 VVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 674
              |||||||||||||||||  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 VVEYLLQHGADVHAKDKXXLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAA 600

Qy        675 AKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLAR 734
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Db        601 AKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKSCLAR 660
```

```
Qy        735 VKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAA 794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAA 720

Qy        795 SYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQT 854
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Db        721 SYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALXLAHGADPTLKNQEGQT 780

Qy        855 PLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASS 914
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 PLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASS 840

Qy        915 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQIT 974
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Db        841 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRXLGLEHLMDIFEREQIT 900

Qy        975 LDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP 1034
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 LDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP 960

Qy       1035 DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEEN 1094
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEEN 1020

Qy       1095 HNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1154
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 HNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTG 1080

Qy       1155 CPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYV 1214
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 CPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYV 1140

Qy       1215 IYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
              ||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 IYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1166


RESULT 5
US-09-849-602-26
; Sequence 26, Application US/09849602
; Patent No. 6794501
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Scanlan, Matthew J.
;  APPLICANT:  Old, Lloyd J.
;  APPLICANT:  Stockert, Elisabeth
;  APPLICANT:  Chen, Yao-Tseng
;  TITLE OF INVENTION: Colon Cancer Antigen Panel
;  FILE REFERENCE: L0461/7105(JRV)
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/849,602
;  CURRENT FILING DATE:  2001-05-04
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 30
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO 26
;   LENGTH: 1227
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-849-602-26

  Query Match             90.9%;  Score 5877;  DB 2;  Length 1227;
  Best Local Similarity   91.6%;  Pred. No. 0;
  Matches 1148;  Conservative    8;  Mismatches   47;  Indels   50;  Gaps    5;

Qy         12 QGAQRGARVGAA------------HGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLL 59
              ||||||||||||             |  |: | :|     |  | :|  :|  :||
Db          1 QGAQRGARVGAAMGLRRSGDSREPSGPGPERVFSGGPRPPARGAGAPAPVAGAVAG---- 56

Qy         60 LRLLALLLAVAAARIMSGRRCAGG-----------GAACASAAAEAVEPAARELFEACRN 108
                                  | ||           |:    |||||||||||||||||||
Db         57 --------------------CGGGQDHVGSPLRRRGSGLRDAAAEAVEPAARELFEACRN 96

Qy        109 GDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIP 168
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       97 GDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIP 156

Qy      169 LHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRN 228
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      157 LHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRN 216

Qy      229 TDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTP 288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      217 TDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTP 276

Qy      289 LHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMD 348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      277 LHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMD 336

Qy      349 LWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHS 408
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      337 LWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHS 396

Qy      409 LLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANIN 468
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      397 LLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANIN 456

Qy      469 EKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLS 528
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      457 EKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLS 516

Qy      529 YGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTV 588
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      517 YGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTV 576

Qy      589 QSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEV 648
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      577 QSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEV 636

Qy      649 AELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKD 708
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      637 AELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKD 696

Qy      709 GDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEV 768
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      697 GDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEV 756

Qy      769 AEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQ 828
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      757 AEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQ 816

Qy      829 KGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNG 888
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      817 KGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNG 876

Qy      889 VRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGV 948
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      877 VRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGV 936

Qy      949 DFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLI 1008
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      937 DFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLI 996

Qy     1009 SGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNI 1068
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      997 SGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNI 1056

Qy     1069 LKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGM 1128
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1057 LKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGM 1116

Qy     1129 FGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHK-DRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAM 1187
            ||||||||||||||||||||||||||    | |   :     ||     ||| |
Db     1117 FGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGVQFTKTDLVTFATAAALL--PGNLGKVFPAVQCN 1174

Qy     1188 KMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
            :   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1175 ENGTSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1227
```

```
RESULT 6
US-09-696-668-3
; Sequence 3, Application US/09696668
; Patent No. 6617102
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  APPLICANT:  Ossovskaya, Valeria
;  TITLE OF INVENTION: TANKYRASE H, COMPOSITIONS INVOLVED IN THE CELL CYCLE AND METHODS
;  FILE REFERENCE: A-68292-1/RMS/DHR
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/696,668
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-23
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 11
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 1100
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-696-668-3

  Query Match             89.2%;  Score 5766;  DB 2;  Length 1100;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1099;  Conservative    1;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        141 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 200
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy        201 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy        261 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy        321 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy        381 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy        441 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy        501 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy        561 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy        621 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy        681 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy        741 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
```

```
Qy        801 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy        861 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy        921 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy        981 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy       1041 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy       1101 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy       1161 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQ 1220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQ 1080

Qy       1221 AYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
              ||||||||||||||||||||
Db       1081 AYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1100


RESULT 7
US-09-843-159B-3
; Sequence 3, Application US/09843159B
; Patent No. 6887675
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Yin
;  APPLICANT:  Chan, Evan
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods
;  FILE REFERENCE: A-68292-2/RMS/DHR
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/843,159B
;  CURRENT FILING DATE:  2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 17
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 1100
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-843-159B-3

  Query Match             89.2%;  Score 5766;  DB 2;  Length 1100;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1099;  Conservative    1;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        141 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 200
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy        201 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy        261 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy        321 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy        381 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy        441 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy        501 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy        561 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy        621 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy        681 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy        741 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy        801 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy        861 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy        921 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy        981 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy       1041 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy       1101 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy       1161 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQ 1220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQ 1080

Qy       1221 AYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
              ||||||||||||||||||||
Db       1081 AYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1100


RESULT 8
US-09-843-159B-9
; Sequence 9, Application US/09843159B
; Patent No. 6887675
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Yin
;  APPLICANT:  Chan, Evan
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods
;  FILE REFERENCE: A-68292-2/RMS/DHR
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/843,159B
;  CURRENT FILING DATE:  2001-04-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 17
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 9
;   LENGTH: 1100
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Artificial sequence
;   FEATURE:
;   OTHER INFORMATION: synthetic mutant
US-09-843-159B-9

  Query Match             89.1%;  Score 5760;  DB 2;  Length 1100;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 1098;  Conservative    1;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        141 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 200
              ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy        201 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy        261 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy        321 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy        381 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy        441 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy        501 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy        561 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy        621 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy        681 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy        741 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy        801 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy        861 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy        921 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy        981 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy       1041 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy       1101 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1160
              |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Db        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYLAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy       1161 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQ 1220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQ 1080

Qy       1221 AYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
              ||||||||||||||||||||
Db       1081 AYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1100


RESULT 9
US-09-427-154-2
; Sequence 2, Application US/09427154
; Patent No. 6589725
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT:  Luo, Ying
;  APPLICANT:  Chan, Eva
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  TITLE OF INVENTION:  TANKYRASE H, COMPOSTIONS INVOLVED IN THE CELL CYCLE AND
;  TITLE OF INVENTION:  METHODS OF USE
;  FILE REFERENCE:  A-68292-DJB/RMS/DAV
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/427,154
;  CURRENT FILING DATE:  1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS:  9
;  SOFTWARE:  PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 2
;   LENGTH: 1100
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-427-154-2

  Query Match             88.7%;  Score 5731.5;  DB 2;  Length 1100;
  Best Local Similarity   99.5%;  Pred. No. 0;
  Matches 1095;  Conservative    1;  Mismatches    3;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy        141 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy        201 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 260
              |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTILNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy        261 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy        321 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy        381 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy     441 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy     501 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy     561 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy     621 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy     681 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 740
           |||||||||||||||||||||||||||||||||  |||||||||||||||||||||||||
Db     541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIHYLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy     741 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy     801 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy     861 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy     921 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 980
           |||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     781 SFSELSSLVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840

Qy     981 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 1040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy    1041 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy    1101 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy    1161 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQ 1220
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1021 -SCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQ 1079

Qy    1221 AYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
           ||||||||||||||||||||
Db    1080 AYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1099


RESULT 10
US-09-843-159B-10
; Sequence 10, Application US/09843159B
; Patent No. 6887675
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Luo, Yin
;  APPLICANT:  Chan, Evan
;  APPLICANT:  Xu, Xiang
;  APPLICANT:  Huang, Betty
;  TITLE OF INVENTION: Tankyrase H, Compositions Involved in the Cell Cycle and Methods
;  FILE REFERENCE: A-68292-2/RMS/DHR
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/843,159B
;  CURRENT FILING DATE:  2001-04-25
;. PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/696,668
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/427,154
;  PRIOR FILING DATE: 1999-10-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 17
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 10
;   LENGTH: 1083
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Artificial sequence
;   FEATURE:
;   OTHER INFORMATION: synthetic mutant
US-09-843-159B-10

  Query Match             87.5%;  Score 5656;  DB 2;  Length 1083;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 1079;  Conservative    1;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy     141 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 200
           ||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60

Qy     201 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120

Qy     261 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180

Qy     321 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240

Qy     381 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300

Qy     441 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360

Qy     501 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420

Qy     561 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480

Qy     621 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540

Qy     681 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600

Qy     741 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660

Qy     801 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720

Qy     861 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780

Qy     921 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
```

```
Qy        981 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900

Qy       1041 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960

Qy       1101 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020

Qy       1161 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQ 1220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Db       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAAYVIYRGEQ 1080

Qy       1221 A 1221
              |
Db       1081 A 1081


RESULT 11
US-09-972-115A-4
; Sequence 4, Application US/09972115A
; Patent No. 6599728
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:  Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 4
;   LENGTH: 1267
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1)..(1)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 1 stands for Thr, Ala, Pro, or Ser.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (42)..(42)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 42 stands for Lys, Arg, Thr, or Met.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (98)..(98)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 98 stands for Lys, Arg, Thr, or Met.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (110)..(110)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 110 stands for Thr, Ala, Pro, or Ser.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (114)..(114)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 114 stands for Asn, Ser, Thr, or Ile.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (126)..(126)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 126 stands for Lys, or Asn.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (139)..(139)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 139 stands for Ile, Val, Leu, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (144)..(144)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 144 stands for Thr.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (153)..(153)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 153 stands for Thr.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (166)..(166)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 166 stands for Ser, Gly, Arg, or Cys.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (173)..(173)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 173 stands for Ile, Val, Leu, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (174)..(174)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 174 stands for Glu, or Lys.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (183)..(183)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 183 stands for Val.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (185)..(185)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 185 stands for Thr, Ala, Pro, or Ser.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (188)..(188)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 188 stands for Asn, Asp, His, or Tyr.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (202)..(202)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 202 stands for His, or Pro.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (204)..(204)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 204 stands for Glu, or Lys.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (205)..(205)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 205 stands for Asn, Ser, Thr, or Ile.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (207)..(207)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 207 stands for Asn, Asp, His, or Tyr.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (211)..(211)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 211 stands for Gln, Arg, Pro, or Leu.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (213)..(213)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 213 stands for Ser, Gly, Arg, or Cys.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (215)..(215)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 215 stands for Lys, Asn, Glu, Asp, Gln, His
;   OTHER INFORMATION: , a stop codon, or Tyr.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (227)..(227)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 227 stands for His, Arg, Pro, or Leu.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (228)..(228)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 228 stands for Asn, Asp, His, or Tyr.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (237)..(237)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 237 stands for Glu, or Asp.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (238)..(238)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 238 stands for Asn, Ser, Thr, Ile, Asp, Gly
;   OTHER INFORMATION: , Ala, Val, His, Arg, Pro, Leu, Tyr, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (667)..(667)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 667 stands for Tyr, Cys, Ser, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (725)..(725)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 725 stands for Lys, or Asn.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (727)..(727)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 727 stands for His, Arg, Pro, or Leu.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (735)..(735)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 735 stands for Glu, or Asp.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (741)..(741)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 741 stands for Met, Val, or Leu.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (763)..(763)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 763 stands for Leu, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (764)..(764)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 764 stands for Tyr, Cys, Ser, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (787)..(787)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 787 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;    OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (788)..(788)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 788 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;    OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (789)..(789)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 789 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;    OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (790)..(790)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 790 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;    OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (791)..(791)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 791 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;    OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (792)..(792)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 792 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;    OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (793)..(793)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 793 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;    OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (794)..(794)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 794 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;    OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (795)..(795)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 795 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;    OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (796)..(796)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 796 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;    OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (797)..(797)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 797 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;    OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (798)..(798)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 798 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;    OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (799)..(799)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 799 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;    OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (800)..(800)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 800 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;    OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (801)..(801)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 801 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile
;    OTHER INFORMATION: , Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (802)..(802)

  Query Match             84.3%;  Score 5452;  DB 2;  Length 1267;
  Best Local Similarity   86.2%;  Pred. No. 0;
  Matches 1072;  Conservative    6;  Mismatches  161;  Indels    4;  Gaps    2;

Qy          1 RCSARRGAAGGQGAQRGARVGAAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLL 60
              ||  |||||||||| |    |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         26 RCLRRRGAAGGQGAHRXGARGRGHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLL 85

Qy         61 RLLALLLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTP 120
              |||||||||||| ||||||||||| ||| ||||||||||| |||||||||||| |:|| |
Db         86 RLLALLLAVAAAXIMSGRRCAGGGXACAXAAAEAVEPAARXLFEACRNGDVERXKKLVXP 145

Qy        121 EKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEV 180
              ||||||| |||||||||| | |||||:  ||| |||| | || ||||||||||||| |  
Db        146 EKVNSRDXAGRKSTPLHFPAXFGRKDLXXYLLTNGANXQXRDXGGLIPLHNACSFGXAXX 205

Qy        181 VNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADP 240
              : ||| | | |||||||||||  ||||||||  |||||||||||||||||||||||||||
Db        206 IXLLLXHXAXPNARDNWNYTPXXEAAIKGKIXXCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADP 265

Qy        241 SAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKI 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        266 SAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKI 325

Qy        301 VQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAAS 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        326 VQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAAS 385

Qy        361 KNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTR 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        386 KNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTR 445

Qy        421 IKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHV 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        446 IKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHV 505

Qy        481 ASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        506 ASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQG 565

Qy        541 FTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQ 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        566 FTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQ 625

Qy        601 STPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVN 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Db        626 STPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACXYGHYEVAELLVKHGAVVN 685

Qy        661 VADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGD 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||| :|   ||||||| ||||| ||||
Db        686 VADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKKKKGXIXLDLVKDGXTDIQDXLRGD 745

Qy        721 AALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVN 780
              | |||||||||||||||   ||||||||||||||||||| ||
Db        746 AVLLDAAKKGCLARVKKXXFPDNVNCRDTQGRHSTPLHL-AGXXXXXXXXXXXXXXXXXX 804

Qy        781 AQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLA 840

Db        805 XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX 864

Qy        841 HGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALS 900
                                          ||||||| |||| |||||||||||||||||||
Db        865 XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXTAAMPPSVLPSCNKPQVLNGVRSPGATADALS 924

Qy        901 SGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        925 SGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLG 984
```

```
Qy      961 LEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTL 1020
            |||||||| |||||||||||||||||||| ||||||||||||  ||||||||||||||||
Db      985 LEHLMDIFXREQITLDVLVEMGHKELKEIXINAYGHRHKLIKSFERLISGQQGLNPYLTL 1044

Qy     1021 NTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNK--- 1077
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:
Db     1045 NTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNRAKI 1104

Qy     1078 KLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAE 1137
            :  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1105 RHEERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAE 1164

Qy     1138 NSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHH 1197
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1165 NSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHH 1224

Qy     1198 SVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1225 SVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1267


RESULT 12
US-09-196-387-2
; Sequence 2, Application US/09196387
; Patent No. 6277613
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  de Lange, Titia
;    APPLICANT:  Smith, Susan
;    TITLE OF INVENTION:  A PROTEIN THAT BINDS TO TRF1 AND METHODS
;    TITLE OF INVENTION:  OF USE THEREOF
;    NUMBER OF SEQUENCES:  12
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Klauber & Jackson
;      STREET:  411 Hackensack Avenue, 4th Floor
;      CITY:  Hackensack
;      STATE:  New Jersey
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  07601
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/09/196,387
;      FILING DATE:
;      CLASSIFICATION:
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  09/095,225
;      FILING DATE:  June 10, 1998
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Jackson Esq., David A.
;      REGISTRATION NUMBER:  26,742
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  600-1-230 CIP1
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  201-487-5800
;      TELEFAX:  201-343-1684
;      TELEX:  133521
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  2:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  1327 amino acids
;      TYPE:  amino acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  protein
;    HYPOTHETICAL:  NO
US-09-196-387-2

  Query Match             79.0%;  Score 5103.5;  DB 2;  Length 1327;
  Best Local Similarity   79.2%;  Pred. No. 0;
  Matches  963;  Conservative  110;  Mismatches  128;  Indels   15;  Gaps    3;

Qy       22 AAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLLRLLALLLAVAAARIMSGRRCA 81
            :| | ||:|  :||  : : |:|     :   : ||      : |     |  :|
Db      112 SAAGVAPNPAGSGSNNSPSSSSSPTSSSSSSPSSPG------SSLAESPEAAGVSSTAPL 165

Qy       82 GGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAG 141
            | |||       ||  | ||| |||||||| ||||||    ||::| |||||:|||||||
Db      166 GPGAAGPGTGVPAVSGALRELLEACRNGDVSRVKRLVDAANVNAKDMAGRKSSPLHFAAG 225

Qy      142 FGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTP 201
            ||||||||:||| |||| ||||||||||||||||||||||:|||  ||||||||||||||
Db      226 FGRKDVVEHLLQMGANVHARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVSLLLCQGADPNARDNWNYTP 285

Qy      202 LHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARS 261
            |||||||||||||||||||||:| ||||||::||||||||||||||||||||||||:|||
Db      286 LHEAAIKGKIDVCIVLLQHGADPNIRNTDGKSALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLEAARS 345

Qy      262 GNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVP 321
            |||||:|||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||| |||
Db      346 GNEEKLMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQHGADVHAKDKGGLVP 405

Qy      322 LHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLN 381
            ||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||:|
Db      406 LHNACSYGHYEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSHGADPTLVN 465

Qy      382 CHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETA 441
            || |||:|:||||:|:||| ||||||||||||||||: ::|| |:||::||| ||:||||
Db      466 CHGKSAVDMAPTPELRERLTYEFKGHSLLQAAREADLAKVKKTLALEIINFKQPQSHETA 525

Qy      442 LHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVN 501
            |||| || :|||||: |||||||||:||| |:|:||||||:|:|||||:||: || ||:|
Db      526 LHCAVASLHPKRKQVTELLLRKGANVNEKNKDFMTPLHVAAERAHNDVMEVLHKHGAKMN 585

Qy      502 ALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISL 561
            ||| ||||:|||||  ||||||||||||| ||:||||||||| ||||| |||:| |   :
Db      586 ALDTLGQTALHRAALAGHLQTCRLLLSYGSDPSIISLQGFTAAQMGNEAVQQILSESTPI 645

Qy      562 GNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQ 621
              |: | :||||:||||:||||:||: |:|||||:||| ||||||||||||||||||||
Db      646 RTSDVDYRLLEASKAGDLETVKQLCSSQNVNCRDLEGRHSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLH 705

Qy      622 HGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEI 681
            ||||||||||||||||||||||||||||||||:||| |||||||||||||||||||||||
Db      706 HGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEI 765

Qy      682 CKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSP 741
            |||||:||||||||||||||||||||:|||||||||:|||||||||||||||||:|| :|
Db      766 CKLLLKHGADPTKKNRDGNTPLDLVKEGDTDIQDLLKGDAALLDAAKKGCLARVQKLCTP 825

Qy      742 DNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDV 801
            :|:||||||||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||:
Db      826 ENINCRDTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDI 885

Qy      802 AALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSA 861
            |||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||| :|
Db      886 AALLIKYNTCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTMKNQEGQTPLDLATA 945

Qy      862 DDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGS 921
            ||: |||  |||| |||:|:|||           : :| |  |:|| ||||||:|||:|
Db      946 DDIRALLIDAMPPEALPTCFKPQAT-------VVSASLISPASTPSCLSAASSIDNLTGP 998

Qy      922 FSELSSVVSSSGTEGASSLEKK--EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLV 979
             :||:   :|:  :||:  |:|  || |:| :|:||:::|||||| |||| ||||||||
Db      999 LAELAVGGASNAGDGAAGTERKEGEVAGLDMNISQFLKSLGLEHLRDIFETEQITLDVLA 1058

Qy      980 EMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEF 1039
            :|||:|||||||||||||||||||||||: |||| ||||| :    ||||:||:|:|||:
Db     1059 DMGHEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQGTNPYLTFHCVNQGTILLDLAPEDKEY 1118

Qy     1040 QSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHAN 1099
            ||||||||||:|||||||:|||||||||:::|||| |||| ||: ||:|||||||||| |
Db     1119 QSVEEEMQSTIREHRDGGNAGGIFNRYNVIRIQKVVNKKLRERFCHRQKEVSEENHNHHN 1178

Qy     1100 ERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHK 1159
            ||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Db       1179 ERMLFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPTHK 1238

Qy       1160 DRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGE 1219
              ||||||||||:||||||||||||||| |||||:||||||| ||||||||| |||||||||
Db       1239 DRSCYICHRQMLFCRVTLGKSFLQFSTMKMAHAPPGHHSVIGRPSVNGLAYAEYVIYRGE 1298

Qy       1220 QAYPEYLITYQIMRPE 1235
              |||||||||||||:||
Db       1299 QAYPEYLITYQIMKPE 1314


RESULT 13
US-09-841-835-2
; Sequence 2, Application US/09841835
; Patent No. 6506587
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  de Lange, Titia
;    APPLICANT:  Smith, Susan
;    TITLE OF INVENTION:  A PROTEIN THAT BINDS TO TRF1 AND METHODS
;    TITLE OF INVENTION:  OF USE THEREOF
;    NUMBER OF SEQUENCES:  12
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Klauber & Jackson
;      STREET:  411 Hackensack Avenue, 4th Floor
;      CITY:  Hackensack
;      STATE:  New Jersey
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  07601
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/09/841,835
;      FILING DATE:
;      CLASSIFICATION:
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  09/196,387
;      FILING DATE:
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Jackson Esq., David A.
;      REGISTRATION NUMBER:  26,742
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  600-1-230 CIP1
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  201-487-5800
;      TELEFAX:  201-343-1684
;      TELEX:  133521
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  2:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  1327 amino acids
;      TYPE:  amino acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  protein
;    HYPOTHETICAL:  NO
US-09-841-835-2

  Query Match             79.0%;  Score 5103.5;  DB 2;  Length 1327;
  Best Local Similarity   79.2%;  Pred. No. 0;
  Matches  963;  Conservative  110;  Mismatches  128;  Indels   15;  Gaps    3;

Qy         22 AAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLLRLLALLLAVAAARIMSGRRCA 81
              :| | ||:|  :||  : : |:|     :   : ||      : |     |  :|
Db        112 SAAGVAPNPAGSGSNNSPSSSSSPTSSSSSSPSSPG------SSLAESPEAAGVSSTAPL 165

Qy         82 GGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAG 141
              | |||       ||  | ||| |||||||| ||||||    ||::| |||||:|||||||
Db        166 GPGAAGPGTGVPAVSGALRELLEACRNGDVSRVKRLVDAANVNAKDMAGRKSSPLHFAAG 225

Qy        142 FGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTP 201
              ||||||||:||| |||| ||||||||||||||||||||||:|||  ||||||||||||||
Db        226 FGRKDVVEHLLQMGANVHARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVSLLLCQGADPNARDNWNYTP 285

Qy        202 LHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARS 261
              |||||||||||||||||||||:| ||||||::||||||||||||||||||||||||:|||
Db        286 LHEAAIKGKIDVCIVLLQHGADPNIRNTDGKSALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLEAARS 345

Qy        262 GNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVP 321
              |||||:|||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||| |||
Db        346 GNEEKLMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQHGADVHAKDKGGLVP 405

Qy        322 LHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLN 381
              ||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||:|
Db        406 LHNACSYGHYEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSHGADPTLVN 465

Qy        382 CHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETA 441
              || |||:|:||||:|:||| ||||||||||||||||: ::|| |:||::||| ||:||||
Db        466 CHGKSAVDMAPTPELRERLTYEFKGHSLLQAAREADLAKVKKTLALEIINFKQPQSHETA 525

Qy        442 LHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVN 501
              |||| || :|||||: |||||||||:||| |:|:||||||:|:|||||:||: || ||:|
Db        526 LHCAVASLHPKRKQVTELLLRKGANVNEKNKDFMTPLHVAAERAHNDVMEVLHKHGAKMN 585

Qy        502 ALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISL 561
              ||| ||||:|||||  ||||||||||||| ||:||||||||| ||||| |||:| |   :
Db        586 ALDTLGQTALHRAALAGHLQTCRLLLSYGSDPSIISLQGFTAAQMGNEAVQQILSESTPI 645

Qy        562 GNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQ 621
                |: | :||||:||||:||||:||: |:|||||:||| ||||||||||||||||||||
Db        646 RTSDVDYRLLEASKAGDLETVKQLCSSQNVNCRDLEGRHSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLH 705

Qy        622 HGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEI 681
              ||||||||||||||||||||||||||||||||:||| |||||||||||||||||||||||
Db        706 HGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEI 765

Qy        682 CKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSP 741
              |||||:||||||||||||||||||||:|||||||||:|||||||||||||||||:|| :|
Db        766 CKLLLKHGADPTKKNRDGNTPLDLVKEGDTDIQDLLKGDAALLDAAKKGCLARVQKLCTP 825

Qy        742 DNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDV 801
              :|:||||||||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||:
Db        826 ENINCRDTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDI 885

Qy        802 AALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSA 861
              |||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||| :|
Db        886 AALLIKYNTCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTMKNQEGQTPLDLATA 945

Qy        862 DDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGS 921
              ||: |||  |||| |||:|:|||           : :| |  |:|| ||||||:|||:|
Db        946 DDIRALLIDAMPPEALPTCFKPQAT-------VVSASLISPASTPSCLSAASSIDNLTGP 998

Qy        922 FSELSSVVSSSGTEGASSLEKK--EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLV 979
               :||:   :|:  :||:  |:|  || |:| :|:||:::|||||| |||| ||||||||
Db        999 LAELAVGGASNAGDGAAGTERKEGEVAGLDMNISQFLKSLGLEHLRDIFETEQITLDVLA 1058

Qy        980 EMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEF 1039
              :|||:|||||||||||||||||||||||: |||| ||||| :    ||||:||:|:|||:
Db       1059 DMGHEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQGTNPYLTFHCVNQGTILLDLAPEDKEY 1118

Qy       1040 QSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHAN 1099
              ||||||||||:|||||||:|||||||||:::|||| |||| ||: ||:|||||||||| |
Db       1119 QSVEEEMQSTIREHRDGGNAGGIFNRYNVIRIQKVVNKKLRERFCHRQKEVSEENHNHHN 1178

Qy       1100 ERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHK 1159
              ||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Db       1179 ERMLFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPTHK 1238

Qy       1160 DRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGE 1219
              ||||||||||:||||||||||||||| |||||:||||||| ||||||||| |||||||||
Db       1239 DRSCYICHRQMLFCRVTLGKSFLQFSTMKMAHAPPGHHSVIGRPSVNGLAYAEYVIYRGE 1298

Qy       1220 QAYPEYLITYQIMRPE 1235
              |||||||||||||:||
Db       1299 QAYPEYLITYQIMKPE 1314
```

```
RESULT 14
US-09-972-115A-8
; Sequence 8, Application US/09972115A
; Patent No. 6599728
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:  Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 8
;   LENGTH: 1327
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-972-115A-8

  Query Match             79.0%;  Score 5103.5;  DB 2;  Length 1327;
  Best Local Similarity   79.2%;  Pred. No. 0;
  Matches  963;  Conservative  110;  Mismatches  128;  Indels  15;  Gaps   3;

Qy           22 AAHGTAPDPVTAGSQAARALSASSPGGLALLLAGPGLLLRLLALLLAVAAARIMSGRRCA 81
                :| | ||:|  :||  : : |:|     :   : ||      : |     |  :|
Db          112 SAAGVAPNPAGSGSNNSPSSSSSPTSSSSSSPSSPG------SSLAESPEAAGVSSTAPL 165

Qy           82 GGGAACASAAAEAVEPAARELFEACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAG 141
                | |||       ||  | ||| ||||||||| ||||||    ||::| |||||:|||||||
Db          166 GPGAAGPGTGVPAVSGALRELLEACRNGDVSRVKRLVDAANVNAKDMAGRKSSPLHFAAG 225

Qy          142 FGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTP 201
                ||||||||:||| |||| ||||||||||||||||||||||:|||  ||||||||||||||
Db          226 FGRKDVVEHLLQMGANVHARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVSLLLCQGADPNARDNWNYTP 285

Qy          202 LHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARS 261
                |||||||||||||||||||||:| ||||||::||||||||||||||||||||||||:|||
Db          286 LHEAAIKGKIDVCIVLLQHGADPNIRNTDGKSALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLEAARS 345

Qy          262 GNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVP 321
                |||||:|||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||| |||
Db          346 GNEEKLMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVRIVQLLLQHGADVHAKDKGGLVP 405

Qy          322 LHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLN 381
                ||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||:|
Db          406 LHNACSYGHYEVTELLLKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSHGADPTLVN 465

Qy          382 CHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETA 441
                || |||:|:||||:|:||| ||||||||||||||||: ::|| |:||::||| ||:||||
Db          466 CHGKSAVDMAPTPELRERLTYEFKGHSLLQAAREADLAKVKKTLALEIINFKQPQSHETA 525

Qy          442 LHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVN 501
                |||| || :|||||: |||||:||| |:|:||||||:|:|||||:||: || ||:|
Db          526 LHCAVASLHPKRKQVTELLLRKGANVNEKNKDFMTPLHVAAERAHNDVMEVLHKHGAKMN 585

Qy          502 ALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISL 561
                ||| ||||:|||||  |||||||||||||| ||:||||||||| ||||| |||:| |   :
Db          586 ALDTLGQTALHRAALAGHLQTCRLLLSYGSDPSIISLQGFTAAQMGNEAVQQILSESTPI 645

Qy          562 GNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQ 621
                  |: | :||||:||||:||||:||: |:|||||:||| |||||||||||||||||||
Db          646 RTSDVDYRLLEASKAGDLETVKQLCSSQNVNCRDLEGRHSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLH 705

Qy          622 HGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEI 681
                ||||||||||||||||||||||||||||||||:||| |||||||||||||||||||||||
Db          706 HGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVRHGASVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEI 765

Qy          682 CKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSP 741
                |||||:||||||||||||||||||||:|||||||||:|||||||||||||||||:|| :|
Db          766 CKLLLKHGADPTKKNRDGNTPLDLVKEGDTDIQDLLKGDAALLDAAKKGCLARVQKLCTP 825

Qy          742 DNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDV 801
                :|:||||||||:||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||:
Db          826 ENINCRDTQGRNSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLEHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDI 885

Qy          802 AALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSA 861
                |||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||| :|
Db          886 AALLIKYNTCVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTMKNQEGQTPLDLATA 945

Qy          862 DDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGS 921
                ||: |||  |||| |||:|:|||           : :| |  |:|| ||||||:|||:|
Db          946 DDIRALLIDAMPPEALPTCFKPQAT-------VVSASLISPASTPSCLSAASSIDNLTGP 998

Qy          922 FSELSSVVSSSGTEGASSLEKK--EVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLV 979
                 :||:   :|:  :||:  |:|  || |:| :|:||:::|||||| |||| ||||||||
Db          999 LAELAVGGASNAGDGAAGTERKEGEVAGLDMNISQFLKSLGLEHLRDIFETEQITLDVLA 1058

Qy          980 EMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEF 1039
                :|||:|||||||||||||||||||||||: |||| ||||| :    ||||:||:|:|||:
Db         1059 DMGHEELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLLGGQQGTNPYLTFHCVNQGTILLDLAPEDKEY 1118

Qy         1040 QSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHAN 1099
                ||||||||||:|||||||:|||||||||:::|||| |||| ||: ||:|||||||||| |
Db         1119 QSVEEEMQSTIREHRDGGNAGGIFNRYNVIRIQKVVNKKLRERFCHRQKEVSEENHNHHN 1178

Qy         1100 ERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHK 1159
                ||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Db         1179 ERMLFHGSPFINAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPTHK 1238

Qy         1160 DRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGE 1219
                ||||||||||:||||||||||||||| |||||:||||||| ||||||||| |||||||||
Db         1239 DRSCYICHRQMLFCRVTLGKSFLQFSTMKMAHAPPGHHSVIGRPSVNGLAYAEYVIYRGE 1298

Qy         1220 QAYPEYLITYQIMRPE 1235
                |||||||||||||:||
Db         1299 QAYPEYLITYQIMKPE 1314


RESULT 15
US-09-972-115A-2
; Sequence 2, Application US/09972115A
; Patent No. 6599728
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Gregg, Morin B.
;  APPLICANT:  Walter, Funk D.
;  APPLICANT:  Mieczyslaw, Piatyszek A.
;  TITLE OF INVENTION: A Second Mammalian Telomerase
;  FILE REFERENCE: 080/003C
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/972,115A
;  CURRENT FILING DATE:  2001-10-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,577
;  PRIOR FILING DATE: 2000-04-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/129,123
;  PRIOR FILING DATE: 1999-04-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 64
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 2
;   LENGTH: 1333
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1)..(1)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 1 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon, T
;   OTHER INFORMATION: yr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (2)..(2)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 2 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon, T
;    OTHER INFORMATION: yr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (3)..(3)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 3 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon, T
;    OTHER INFORMATION: yr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (4)..(4)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 4 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon, T
;    OTHER INFORMATION: yr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (5)..(5)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 5 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon, T
;    OTHER INFORMATION: yr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (6)..(6)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 6 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon, T
;    OTHER INFORMATION: yr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (7)..(7)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 7 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon, T
;    OTHER INFORMATION: yr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (8)..(8)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 8 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon, T
;    OTHER INFORMATION: yr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (9)..(9)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 9 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon, T
;    OTHER INFORMATION: yr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (10)..(10)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 10 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (11)..(11)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 11 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (12)..(12)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 12 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (13)..(13)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 13 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (14)..(14)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 14 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (15)..(15)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 15 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (16)..(16)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 16 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (17)..(17)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 17 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (18)..(18)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 18 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (19)..(19)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 19 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (20)..(20)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 20 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (21)..(21)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 21 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (22)..(22)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 22 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (23)..(23)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 23 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (24)..(24)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 24 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (25)..(25)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 25 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (26)..(26)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 26 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (27)..(27)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 27 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (28)..(28)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 28 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (29)..(29)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 29 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (30)..(30)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 30 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;    OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;    OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (31)..(31)
;    OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 31 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (32)..(32)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 32 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (33)..(33)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 33 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (34)..(34)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 34 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (35)..(35)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 35 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,
;   OTHER INFORMATION: Met, Glu, Asp, Gly, Ala, Val, Gln, His, Pro, Leu, a stop codon,
;   OTHER INFORMATION: Tyr, Trp, Cys, or Phe.
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (36)..(36)
;   OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 36 stands for Lys, Asn, Arg, Ser, Thr, Ile,

  Query Match             77.8%;  Score 5031.5;  DB 2;  Length 1333;
  Best Local Similarity   86.7%;  Pred. No. 0;
  Matches  983;  Conservative    7;  Mismatches  135;  Indels    9;  Gaps    2;

Qy         116 RLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSF 175
               |||||||||  :| ||||||||| ||||||:  :|||||||| |   :||||||| ||||
Db         200 RLVTPEKVNXXNTXGRKSTPLHFPAGFGRKNXXKYLLQNGANXQXLYNGGLIPLHXACSF 259

Qy         176 GHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTAL 235
               |||: :||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         260 GHAKXINLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTAL 319

Qy         236 DLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGY 295
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         320 DLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGY 379

Qy         296 NRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPL 355
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         380 NRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPL 439

Qy         356 HEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAARE 415
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         440 HEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAARE 499

Qy         416 ADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFL 475
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         500 ADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFL 559

Qy         476 TPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNI 535
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         560 TPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNI 619

Qy         536 ISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRD 595
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         620 ISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRD 679

Qy         596 IEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKH 655
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db         680 IEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACXYGHYEVAELLVKH 739

Qy         656 GAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQD 715
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||| |||||
Db         740 GAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTLLDLVKDGXTDIQD 799

Qy         716 LLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLA--AGYNNLEVAEYLL 773
                ||||| |||||||||||||||   ||||||||||||||||||||
Db         800 XLRGDAVLLDAAKKGCLARVKKXXFPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAGXXXXXXXXXXXXXX 859

Qy         774 QHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQ 833

Db         860 XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX 919

Qy         834 LCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPG 893
                                                  ||||||| |||| ||||||||||||
Db         920 XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXTAAMPPSVLPSCNKPQVLNGVRSPG 979

Qy         894 ATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSIT 953
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         980 ATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSIT 1039

Qy         954 QFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQG 1013
               ||||||||||||||| |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db        1040 QFVRNLGLEHLMDIFXREQITLDVLVEMGHKELKEIXINAYGHRHKLIKGVERLISGQQG 1099

Qy        1014 LNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQK 1073
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1100 LNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQK 1159

Qy        1074 VCNK-------KLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIG 1126
               |||        :  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1160 VCNXXXXXAKIRHEERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIG 1219

Qy        1127 GMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSA 1186
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1220 GMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSA 1279

Qy        1187 MKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1280 MKMAHSPPGHHSVTGRPSVNGLALAEYVIYRGEQAYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1333

Search completed: December 18, 2006, 17:37:14
Job time : 46.423 secs
```

```
                        GenCore version 5.1.9
               Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.

OM protein - protein search, using sw model

Run on:         December 18, 2006, 17:55:21 ; Search time 40.3471 Seconds
                                             (without alignments)
                                             2975.278 Million cell updates/sec

Title:          US-10-616-101-4
Perfect score:  6464
Sequence:       1 RCSARRGAAGGQGAQRGARV..........AYPEYLITYQIMRPEGMVDG 1240

Scoring table:  BLOSUM62
                Gapop 10.0 , Gapext 0.5

Searched:       381649 seqs, 96809478 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      381649

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       Published_Applications_AA_New:*
                 1:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpaa/US09_NEW_PUB.pep:*
                 2:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpaa/US06_NEW_PUB.pep:*
                 3:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpaa/US07_NEW_PUB.pep:*
                 4:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpaa/US08_NEW_PUB.pep:*
                 5:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpaa/PCT_NEW_PUB.pep:*
                 6:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpaa/US10_NEW_PUB.pep:*
                 7:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpaa/US11_NEW_PUB.pep:*
                 8:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/1/pubpaa/US60_NEW_PUB.pep:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                                  SUMMARIES
                   %
Result           Query
  No.   Score    Match Length DB  ID                          Description
-----------------------------------------------------------------------------
     1   878.5    13.6    1880  7  US-11-050-875-628            Sequence 628, App
     2   878.5    13.6    1881  7  US-11-050-875-629            Sequence 629, App
     3     877    13.6    1330  7  US-11-293-697-3237           Sequence 3237, Ap
     4   714.5    11.1     919  7  US-11-293-697-4122           Sequence 4122, Ap
     5     527     8.2     743  7  US-11-371-354-56501          Sequence 56501, A
     6   505.5     7.8     685  6  US-10-533-519-1308           Sequence 1308, Ap
     7     478     7.4     765  7  US-11-375-615-56             Sequence 56, Appl
     8     465     7.2     765  7  US-11-317-329-3              Sequence 3, Appli
     9     465     7.2     765  7  US-11-317-329-34             Sequence 34, Appl
    10     465     7.2     765  7  US-11-317-329-35             Sequence 35, Appl
    11     465     7.2     765  7  US-11-317-329-36             Sequence 36, Appl
    12     465     7.2     765  7  US-11-317-329-37             Sequence 37, Appl
    13     465     7.2     765  7  US-11-317-329-38             Sequence 38, Appl
    14     465     7.2     765  7  US-11-317-329-39             Sequence 39, Appl
    15     465     7.2     765  7  US-11-317-329-40             Sequence 40, Appl
    16     465     7.2     765  7  US-11-317-329-41             Sequence 41, Appl
    17     465     7.2     765  7  US-11-317-329-42             Sequence 42, Appl
    18     465     7.2     765  7  US-11-317-329-43             Sequence 43, Appl
    19     465     7.2     765  7  US-11-317-329-44             Sequence 44, Appl
    20     462     7.1    1061  7  US-11-397-222-4              Sequence 4, Appli
    21     432     6.7     616  7  US-11-371-354-59433          Sequence 59433, A
    22   411.5     6.4    1050  7  US-11-371-354-65355          Sequence 65355, A
    23   408.5     6.3     435  7  US-11-371-354-13702          Sequence 13702, A
    24   408.5     6.3     435  7  US-11-371-354-78380          Sequence 78380, A
    25   398.5     6.2    1719  7  US-11-344-932-378            Sequence 378, App
```

```
    26   392.5     6.1     784  7  US-11-317-329-12             Sequence 12, Appl
    27   392.5     6.1     832  7  US-11-320-072-96             Sequence 96, Appl
    28   390.5     6.0     786  7  US-11-317-329-13             Sequence 13, Appl
    29   390.5     6.0     786  7  US-11-317-329-31             Sequence 31, Appl
    30   390.5     6.0     786  7  US-11-317-329-32             Sequence 32, Appl
    31   390.5     6.0     786  7  US-11-317-329-33             Sequence 33, Appl
    32     382     5.9    1762  6  US-10-502-394-94             Sequence 94, Appl
    33   381.5     5.9     727  6  US-10-449-902-54192          Sequence 54192, A
    34   380.5     5.9    1715  6  US-10-502-394-93             Sequence 93, Appl
    35   372.5     5.8    1184  6  US-10-502-394-90             Sequence 90, Appl
    36   372.5     5.8    1771  6  US-10-502-394-91             Sequence 91, Appl
    37   372.5     5.8    1777  6  US-10-570-909-17             Sequence 17, Appl
    38   372.5     5.8    1777  6  US-10-570-909-107            Sequence 107, App
    39   371.5     5.7     347  7  US-11-317-329-30             Sequence 30, Appl
    40     370     5.7    1715  6  US-10-502-394-89             Sequence 89, Appl
    41     370     5.7    1753  6  US-10-504-973-30             Sequence 30, Appl
    42   368.5     5.7    2278  6  US-10-374-780A-1842          Sequence 1842, Ap
    43     357     5.5     587  7  US-11-371-354-61877          Sequence 61877, A
    44   353.5     5.5    1180  6  US-10-505-928-177            Sequence 177, App
    45   332.5     5.1     835  7  US-11-377-316-202            Sequence 202, App


                                  ALIGNMENTS


RESULT 1
US-11-050-875-628
; Sequence 628, Application US/11050875
; Publication No. US20060263786A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Compugen Ltd
;  TITLE OF INVENTION: NOVEL NUCLEOTIDE AND AMINO ACID SEQUENCES, AND ASSAYS AND METHODS
;  TITLE OF INVENTION:  THEREOF FOR DIAGNOSIS OF COLON CANCER
;  FILE REFERENCE: 1847.1001
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/050,875
;  CURRENT FILING DATE:  2005-01-27
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 1583
; SEQ ID NO 628
;   LENGTH: 1880
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-050-875-628

  Query Match             13.6%;  Score 878.5;  DB 7;  Length 1880;
  Best Local Similarity   25.8%;  Pred. No. 1.4e-47;
  Matches  292;  Conservative  157;  Mismatches  375;  Indels  307;  Gaps   28;

Qy        105 ACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDG 164
              | : | |: |  |:  | :    |  : :| || ||  |: :||  |:  |||| |:
Db         51 ASKEGHVKMVVELLHKE-IILETTTKKGNTALHIAALAGQDEVVRELVNYGANVNAQSQK 109

Qy        165 GLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEP 224
              |  ||: |    | |||  || :||: |      :|||  |  :|  :|   |: :| :
Db        110 GFTPLYMAAQENHLEVVKFLLENGANQNVATEDGFTPLAVALQQGHENVVAHLINYGTKG 169

Qy        225 TI---------RNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLN 275
               :         || | |||         |||       ::|  :::|         |||:
Db        170 KVRLPALHIAARNDDTRTA---------AVLLQNDPNPDVL--SKTG--------FTPLH 210

Qy        276 VNCHASDGRKS------------------TPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKG 317
              :  |  :   :                  ||||:|:    | :|:|||  || :  | |
Db        211 IAAHYENLNVAQLLLNRGASVNFTPQNGITPLHIASRRGNVIMVRLLLDRGAQIETKTKD 270

Qy        318 DLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADP 377
              :| ||| |   ||  ::|:|: ||| : |      :|:| ||  : ::   ||| | |:
Db        271 ELTPLHCAARNGHVRISEILLDHGAPIQAKTKNGLSPIHMAAQGDHLDCVRLLLQYDAE- 329

Qy        378 TLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQT 437
                        ||                           |:|
Db        330 ----------ID---------------------------DIT----------------LD 336

Qy        438 HETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHE 497
              | | || ||   :    :: ::|| |||  | :     ||||:| :| |  |:|:::|
Db    337 HLTPLHVAA---HCGHHRVAKVLLDKGAKPNSRALNGFTPLHIACKKNHVRVMELLLKTG 393

Qy    498 AKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMG-----NENVQ 552
          | ::|:   | | || |:: |||   : ||  |  ||: :::  | | |       |  :
Db    394 ASIDAVTESGLTPLHVASFMGHLPIVKNLLQRGASPNVSNVKVETPLHMAARAGHTEVAK 453

Qy    553 QLLQE-----------------GISLGNSEADRQLLE------------------AAKAG 577
           |||                     :|::   : |||                  ||: |
Db    454 YLLQNKAKVNAKAKDDQTPLHCAARIGHTNMVKLLLENNANPNLATTAGHTPLHIAAREG 513

Qy    578 DVETVKKLCTVQ-SVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVP 636
           ||||  |   : |  |   :|   |||| || | :| | | ||:  |  :|  | || |
Db    514 HVETVLALLEKEASQACMTKKG--FTPLHVAAKYGKVRVAELLLERDAHPNAAGKNGLTP 571

Qy    637 LHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWK-FTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKK 695
          || |  : : :: :||:  |   : :  |  :|||| || : : |: : |||:|     :
Db    572 LHVAVHHNNLDIVKLLLPRGGSPH-SPAWNGYTPLHIAAKQNQVEVARSLLQYGGSANAE 630

Qy    696 NRDGNTPLDL-VKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHS 754
          :  | ||| |  ::|  ::  ||                    ||   | |  :  |
Db    631 SVQGVTPLHLAAQEGHAEMVALL--------------------LSKQANGNLGNKSG--L 668

Qy    755 TPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNA 814
          ||||| |   :: ||: |::||  |:|  : |  ||| |: ||:: :.  |::: | |||
Db    669 TPLHLVAQEGHVPVADVLIKHGVMVDATTRMGYTPLHVASHYGNIKLVKFLLQHQADVNA 728

Qy    815 TDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL-------------VS 860
            |  ::|||:|||:| | :  ||| :|| |   : :| ||| :              |
Db    729 KTKLGYSPLHQAAQQGHTDIVTLLLKNGASPNEVSSDGTTPLAIAKRLGYISVTDVLKVV 788

Qy    861 ADDVSALLTAAMPPSALPSC--------------------------------------YKPQ 884
           |: | :| :     : |                                      : |:
Db    789 TDETSFVLVSDKHRMSFPETVDEILDVSEDEGEELISFKAERRDSRDVDEEKELLDFVPK 848

Qy    885 VLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLS-----AASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASS 939
          :   | ||          |  | ::       :   :  |  : | | : ||  || : :
Db    849 LDQVVESPAI--------PRIPCAMPETVVIRSEEQEQASKEYDEDSLIPSSPATETSDN 900

Qy    940 LEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHK 999
          :     |     :  |:                             :   | :  | ||
Db    901 ISPVASPVHTGFLVSFM-----------------------------VDARGGSMRGSRHN 931

Qy   1000 LIKGVE-------------RLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP------------ 1034
           :: |              ||:  |:   |       |  : :| | |
Db    932 GLRVVIPPRTCAAPTRITCRLVKPQKLSTPPPLAEEEGLASRIIALGPTGAQFLSPVIVE 991

Qy   1035 ---------DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCN 1076
                    |:|   :  |  |  :|||         :||    : :: |
Db    992 IPHFASHGRGDRELVVLRSENGSVWKEHR---------SRYGESYLDQILN 1033
```

```
RESULT 2
US-11-050-875-629
; Sequence 629, Application US/11050875
; Publication No. US20060263786A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Compugen Ltd
;  TITLE OF INVENTION: NOVEL NUCLEOTIDE AND AMINO ACID SEQUENCES, AND ASSAYS AND METHODS
;  TITLE OF INVENTION:  THEREOF FOR DIAGNOSIS OF COLON CANCER
;  FILE REFERENCE: 1847.1001
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/050,875
;  CURRENT FILING DATE:  2005-01-27
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 1583
; SEQ ID NO 629
;   LENGTH: 1881
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-050-875-629

  Query Match             13.6%;  Score 878.5;  DB 7;  Length 1881;
  Best Local Similarity   25.8%;  Pred. No. 1.4e-47;
  Matches  292;  Conservative  157;  Mismatches  375;  Indels  307;  Gaps   28;
```

```
Qy    105 ACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDG 164
          | : | |: |  |:  | :    |  : :| || ||  |: :||  |:  |||| |:
Db     52 ASKEGHVKMVVELLHKE-IILETTTKKGNTALHIAALAGQDEVVRELVNYGANVNAQSQK 110

Qy    165 GLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEP 224
          |  || |    | |||  || :||: |      :|||  |  :|  :|   |: :| :
Db    111 GFTPLYMAAQENHLEVVKFLLENGANQNVATEDGFTPLAVALQQGHENVVAHLINYGTKG 170

Qy    225 TI---------RNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLN 275
           :         || | |||         |||       ::|  :::|         |||:
Db    171 KVRLPALHIAARNDDTRTA---------AVLLQNDPNPDVL--SKTG--------FTPLH 211

Qy    276 VNCHASDGRKS------------------TPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKG 317
          :  |  :   :                  ||||:|:    | :|:|||  || :  | |
Db    212 IAAHYENLNVAQLLLNRGASVNFTPQNGITPLHIASRRGNVIMVRLLLDRGAQIETKTKD 271

Qy    318 DLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADP 377
          :| ||| |   ||  ::|:|: ||| : |      :|:| ||  : ::   ||| | |:
Db    272 ELTPLHCAARNGHVRISEILLDHGAPIQAKTKNGLSPIHMAAQGDHLDCVRLLLQYDAE- 330

Qy    378 TLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQT 437
                    ||                           |:|
Db    331 ----------ID---------------------------DIT----------------LD 337

Qy    438 HETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHE 497
          | | || ||   :    :: ::|| |||  | :     ||||:| :| |  |:|:::|
Db    338 HLTPLHVAA---HCGHHRVAKVLLDKGAKPNSRALNGFTPLHIACKKNHVRVMELLLKTG 394

Qy    498 AKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMG-----NENVQ 552
          | ::|:   | | || |:: |||   : ||  |  ||: :::  | | |       |  :
Db    395 ASIDAVTESGLTPLHVASFMGHLPIVKNLLQRGASPNVSNVKVETPLHMAARAGHTEVAK 454

Qy    553 QLLQE-----------------GISLGNSEADRQLLE------------------AAKAG 577
           |||                     :|::   : |||                  ||: |
Db    455 YLLQNKAKVNAKAKDDQTPLHCAARIGHTNMVKLLLENNANPNLATTAGHTPLHIAAREG 514

Qy    578 DVETVKKLCTVQ-SVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVP 636
           ||||  |   : |  |   :|   |||| || | :| | | ||:  |  :|  | || |
Db    515 HVETVLALLEKEASQACMTKKG--FTPLHVAAKYGKVRVAELLLERDAHPNAAGKNGLTP 572

Qy    637 LHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWK-FTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKK 695
          || |  : : :: :||:  |   : :  |  :|||| || : : |: : |||:|     :
Db    573 LHVAVHHNNLDIVKLLLPRGGSPH-SPAWNGYTPLHIAAKQNQVEVARSLLQYGGSANAE 631

Qy    696 NRDGNTPLDL-VKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHS 754
          :  | ||| |  ::|  ::  ||                    ||   | |  :  |
Db    632 SVQGVTPLHLAAQEGHAEMVALL--------------------LSKQANGNLGNKSG--L 669

Qy    755 TPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNA 814
          ||||| |   :: ||: |::||  |:|  : |  ||| |: ||:: :.  |::: | |||
Db    670 TPLHLVAQEGHVPVADVLIKHGVMVDATTRMGYTPLHVASHYGNIKLVKFLLQHQADVNA 729

Qy    815 TDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL-------------VS 860
            |  ::|||:|||:| | :  ||| :|| |   : :| ||| :              |
Db    730 KTKLGYSPLHQAAQQGHTDIVTLLLKNGASPNEVSSDGTTPLAIAKRLGYISVTDVLKVV 789

Qy    861 ADDVSALLTAAMPPSALPSC--------------------------------------YKPQ 884
           |: | :| :     : |                                      : |:
Db    790 TDETSFVLVSDKHRMSFPETVDEILDVSEDEGEELISFKAERRDSRDVDEEKELLDFVPK 849

Qy    885 VLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLS-----AASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASS 939
          :   | ||          |  | ::       :   :  |  : | | : ||  || : :
Db    850 LDQVVESPAI--------PRIPCAMPETVVIRSEEQEQASKEYDEDSLIPSSPATETSDN 901

Qy    940 LEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHK 999
          :     |     :  |:                             :   | :  | ||
Db    902 ISPVASPVHTGFLVSFM-----------------------------VDARGGSMRGSRHN 932

Qy   1000 LIKGVE-------------RLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSP------------ 1034
           :: |              ||:  |:   |       |  : :| | |
Db    933 GLRVVIPPRTCAAPTRITCRLVKPQKLSTPPPLAEEEGLASRIIALGPTGAQFLSPVIVE 992

Qy   1035 ---------DDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCN 1076
```

```
                                 |:|    :  |  |  :|||          :||   : :: |
Db          993 IPHFASHGRGDRELVVLRSENGSVWKEHR---------SRYGESYLDQILN 1034

RESULT 3
US-11-293-697-3237
; Sequence 3237, Application US/11293697
; Publication No. US20060105376A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: HELIX RESEARCH INSTITUTE
;  TITLE OF INVENTION: Novel full length cDNA
;  FILE REFERENCE: H1-A0106
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/293,697
;  CURRENT FILING DATE:  2005-12-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/108;260
;  PRIOR FILING DATE: 2002-03-28
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 5458
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 3237
;   LENGTH: 1330
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-293-697-3237

  Query Match             13.6%;  Score 877;  DB 7;  Length 1330;
  Best Local Similarity   29.7%;  Pred. No. 9.9e-48;
  Matches  293;  Conservative  137;  Mismatches  402;  Indels  156;  Gaps   23;

Qy          105 ACRNGDVER-VKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDD 163
                | | |:::: |: |     :|: :  |  :  || ||  |   :|: ||  |::| :
Db           17 AARAGNLDKVVEYLKGGIDINTCNQNGLNA--LHLAAKEGHVGLVQELLGRGSSVDSATK 74

Qy          164 GGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAE 223
                 |   || |   | ||||:|:: ||: ||:    :|||: || :  |||   ||::||
Db           75 KGNTALHIASLAGQAEVVKVLVKEGANINAQSQNGFTPLYMAAQENHIDVVKYLLENGAN 134

Qy          224 PTIRNTDGRT----ALDLADPSAKAVLTGEYKKDEL----LESARSGNEEKMMALLTPLN 275
                 :    || |    ||      | |:|     | ::    |  |   :: |  |||
Db          135 QSTATEDGFTPLAVALQQGHNQAVAILLENDTKGKVRLPALHIAARKDDTKSAALLLQ-- 192

Qy          276 VNCHASDGRKS-----------TPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHN 324
                 | |:| :             ||||:|| |  | :  |||  || |    :  : |||
Db          193 -NDHNADVQSKMMVNRTTESGFTPLHIAAHYGNVNVATLLLNRGAAVDFTARNGITPLHV 251

Qy          325 ACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHN 384
                |   |:  : :||:  |  ::|      |||| ||     :|  |||  || | |    |
Db          252 ASKRGNTNMVKLLLDRGGQIDAKTRDGLTPLHCAARSGHDQVVELLLERGA-PLLARTKN 310

Qy          385 KSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHP-----QTHE 439
                                     | | |  | : |     |||    :  | |       :
Db          311 ---------------------GLSPLHMAAQGDHVECVKHL----LQHKAPVDDVTLDYL 345

Qy          440 TALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAK 499
                |||| ||   :    :: :||| | || | :     ||||:| :|    |:|::||: |
Db          346 TALHVAA---HCGHYRVTKLLLDKRANPNARALNGFTPLHIACKKNRIKVMELLVKYGAS 402

Qy          500 VNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGN-----ENVQQL 554
                : |:   | | :| ||: |||    |||  |  |:: :::| ||| |       | |: |
Db          403 IQAITESGLTPIHVAAFMGHLNIVLLLLQNGASPDVTNIRGETALHMAARAGQVEVVRCL 462

Qy          555 LQEGI-----------------SLGNSEADRQLLE------------------AAKAGDV 579
                |: |                   || :|  : ||:                  :|: | |
Db          463 LRNGALVDARAREEQTPLHIASRLGKTEIVQLLLQHMAHPDAATTNRYTPLHISAREGQV 522

Qy          580 ETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHN 639
                :    |    : :    : :  |||| || |  : | : |||  |   :  | || |||
Db          523 DVASVLLEAGAAHSLATK-KGFTPLHVAAKYGSLDVAKLLLQRRAAADSAGKNGLTPLHV 581

Qy          640 ACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDG 699
                |  | : :|| ||:: ||  :      :|||| || | : :|   || :||:     : |
Db          582 AAHYDNQKVALLLLEKGASPHATAKNGYTPLHIAAKKNQMQIASTLLNYGAETNIVTKQG 641

Qy          700 NTPLDLV-KDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLH 758
```

```
                 ||| |  ::| ||:  ||    | :  : |  |                      | ||
Db          642 VTPLHLASQEGHTDMVTLLLDKGANIHMSTKSGL---------------------TSLH 679

Qy          759 LAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKW 818
                |||  : : ||: | :|||| :|  | |  ||  |  ||:| :   |:|  | |||  |
Db          680 LAAQEDKVNVADILTKHGADQDAHTKLGYTPLIVACHYGNVKMVNFLLKQGANVNAKTKN 739

Qy          819 AFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL------VSADDVSALLTAAM 872
                 :||||:|||:| | :  :|| ||| |      | | | :      :|  |   ::|  :
Db          740 GYTPLHQAAQQGHTHIINVLLQHGAKPNATTANGNTALAIAKRLGYISVVDTLKVVTEEV 799

Qy          873 PPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSEL------- 925
                  :      |    : :  |    : |         :|     | ::|   |
Db          800 TTTTTTITEK----HKLNVPETMTEVL--------DVSDEEGDDTMTGDGGEYLRPEDLK 847

Qy          926 ----SSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFV--RNLGLEHLMDIFEREQITLDVLV 979
                     |: ||   :| : |      |   |:  |   |:  | |    : |:   :|  |
Db          848 ELGDDSLPSSQFLDGMNYLRYSLEGGRSDSLRSFSSDRSHTLSHAS--YLRDSAVMDDSV 905

Qy          980 EMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERL 1007
                 :   ::  :   |  : ::|  | | |
Db          906 VIPSHQVSTLAKEAERNSYRLSWGTENL 933

RESULT 4
US-11-293-697-4122
; Sequence 4122, Application US/11293697
; Publication No. US20060105376A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: HELIX RESEARCH INSTITUTE
;  TITLE OF INVENTION: Novel full length cDNA
;  FILE REFERENCE: H1-A0106
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/293,697
;  CURRENT FILING DATE:  2005-12-05
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/108,260
;  PRIOR FILING DATE: 2002-03-28
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 5458
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 4122
;   LENGTH: 919
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-293-697-4122

  Query Match             11.1%;  Score 714.5;  DB 7;  Length 919;
  Best Local Similarity   28.7%;  Pred. No. 1.6e-37;
  Matches  246;  Conservative  109;  Mismatches  287;  Indels  215;  Gaps   27;

Qy          121 EKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEV 180
                | ||: |:   | |||| ||   :::| |: :|| | |:|:  | ||| | :    |
Db            7 EDVNTLDS--EKRTPLHVAAFLGDAEIIELLILSGARVNAKDNMWLTPLHRAVASRSEEA 64

Qy          181 VNLLLRHGADPNARD-NWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLAD 239
                | :|::| || |||| ||  |||| ||
Db           65 VQVLIKHSADVNARDKNWQ-TPLHVAA--------------------------------- 90

Qy          240 PSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVK 299
                 : |||                    |   :: ||  : : ||    | || ||    |:
Db           91 -ANKAV--------------------KCAEVIIPLLSSVNVSDRGGRTALHHAALNGHVE 129

Qy          300 IVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAA 359
                :| ||| ||:::| || |   || |   || :|  ||: ||| |   |   :|||| ||
Db          130 MVNLLLAKGANINAFDKKDRRALHWAAYMGHLDVVALLINHGAEVTCKDKKGYTPLHAAA 189

Qy          360 SKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVT 419
                |  :: |   ||: | :   :| :  :|: :|          |           ::| |
Db          190 SNGQINVVKHLLNLGVEIDEINVYGNTALHIA---------CYN---------GQDAVVN 231

Qy          420 RIKKHLSLEMVNFKHPQTHE-TALHCAAASPYPKRKQIC-ELLLRKGANINEKTKEFLTP 477
                 :  :      |   |  :  | || |||| :     :| |||:  ||::| ::|:  :|
Db          232 ELIDY----GANVNQPNNNGFTPLHFAAASTH---GALCLELLVNNGADVNIQSKDGKSP 284

Qy          478 LHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIIS 537
```

```
              ||: :        : ::::  ::: :|  | | || ||  ||      | : | |
Db        285 LHMTAVHGRFTRSQTLIQNGGEIDCVDKDGNTPLHVAARYGHELLINTLRTSGADTAKCG 344

Qy        538 LQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIE 597
              :     | :   |            :|:  |:||  :   :::|  |
Db        345 IHSMFPLHLAALN-----------AHSDCCRKLL--SSGFEIDTPDKF----------- 379

Qy        598 GRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGA 657
              ||  | || ||    |  :: |   ||| | ||| |  ||| | :  |:   | ||  ||
Db        380 GR--TCLHAAAAGGNVECIKLLQSSGADFHKKDKCGRTPLHYAAANCHFHCIETLVTTGA 437

Qy        658 VVNVADLWKFTPLHEAAA---------------------------KGKYEIC-KLLLQHG 689
               ||  | |  | || |||                           : :  :| : |||:
Db        438 NVNETDDWGRTALHYAAASDMDRNKTILGNAHDNSEELERARELKEKEATLCLEFLLQND 497

Qy        690 ADPTKKNRDG------------------------------------NTPLDLVK-DG---- 709
              |:|: ::::|                                    :|| |   :|
Db        498 ANPSIRDKEGYNSIHYAAAYGHRQCLELLLERTNSGFEESDSGATKSPLHLAAYNGHHQA 557

Qy        710 ---------DTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSP-------DNVNCRDTQGRH 753
                       | ||:|  :|  ||  || ||    |: | :|       |||  |
Db        558 LEVLLQSLVDLDIRD-EKGRTALDLAAFKGHTECVEALINPGASIFVKDNVTKR------ 610

Qy        754 STPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGAD----VNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYN 809
               |||| |:  |   :   ||   ||    |: :|  |  ||  | :|||:|  :||::
Db        611 -TPLH-ASVINGHTLCLRLLLEIADNPEAVDVKDAKGQTPLMLAVAYGHIDAVSLLLEKE 668

Qy        810 ACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADD----VS 865
              | |:  |    | ||     |  :   :||        |:  |:|||   :|      :|
Db        669 ANVDTVDILGCTALHRGIMTGHEECVQMLLEQEVSILCKDSRGRTPLHYAAARGHATWLS 728

Qy        866 ALLTAAMPPSALPSCYK 882
               ||  |:  |    |:|
Db        729 ELLQMAL--SEEDCCFK 743

RESULT 5
US-11-371-354-56501
; Sequence 56501, Application US/11371354
; Publication No. US20060275794A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: CARRINO, JOHN
;  APPLICANT:  LIANG, FENG
;  TITLE OF INVENTION: COLLECTIONS OF MATCHED BIOLOGICAL REAGENTS AND METHODS FOR
;  TITLE OF INVENTION:  IDENTIFYING MATCHED REAGENTS
;  FILE REFERENCE: INV-1005-UT2
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/371,354
;  CURRENT FILING DATE:  2006-03-07
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/673,045
;  PRIOR FILING DATE: 2005-04-19
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/665,199
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/665,200
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/659,493
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-07
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/659,492
;  PRIOR FILING DATE: 2005-03-07
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/953,586
;  PRIOR FILING DATE: 2005-02-15
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/651,390
;  PRIOR FILING DATE: 2005-02-08
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 78682
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 56501
;   LENGTH: 743
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-371-354-56501

  Query Match             8.2%;  Score 527;  DB 7;  Length 743;
  Best Local Similarity   24.0%;  Pred. No. 1.3e-25;
  Matches  201;  Conservative   98;  Mismatches  238;  Indels  302;  Gaps   19;
```

```
Qy        143 GRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNA-----CSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNW 197
              | :::||:|| :|| |   |  |   |  |      | ||| ||:||:  ||: :  |
Db          2 GHREIVEHLLDHGAEVNHEDVDGRTALSVAALCVPASKGHASVVSLLIDRGAEVDHCDKD 61

Qy        198 NYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLE 257
                |||  || :| :||  :||: ||:  : :||
Db         62 GMTPLLVAAYEGHVDVVDLLLEGGAD--VDHTD------------------------- 92

Qy        258 SARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKG 317
                                     ::||  |||  ||      :|  ||  || | : |
Db         93 -----------------------NNGR--TPLLAAASMGHASVVNTLLFWGAAVDSIDSE 127

Qy        318 DLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADP 377
                  |  | : |: ||   |:  |   |  |   :|||| ||
Db        128 GRTVLSIASAQGNVEVVRTLLDRGLDENHRDDAGWTPLHMAA------------------ 169

Qy        378 TLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQT 437
                                        |:|| |
Db        170 --------------------------FEGHRL---------------------------- 175

Qy        438 HETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHE 497
                                ||| |: :||  ||   :   |  :||:: | | |:::::::
Db        176 ------------------ICEALIEQGARTNEIDNDGRIPFILASQEGHYDCVQILLENK 217

Qy        498 AKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQE 557
              : ::     |: :|  ||  ||     || |:| |
Db        218 SNIDQRGYDGRNALRVAALEGHRDIVELLFSHGAD------------------------- 252

Qy        558 GISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVE 617
                                               |||:| :|| :  |:  |  |:::: |
Db        253 ---------------------------------VNCKDADGRPT--LYILALENQLTMAE 277

Qy        618 YLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKG 677
              | |::||:| | |  |   || :|  || |: ::|: : | || ||  | : |  || :|
Db        278 YFLENGANVEASDAEGRTALHVSCWQGHMEMVQVLIAYHADVNAADNEKRSALQSAAWQG 337

Qy        678 KYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKK 737
                :: :||::||                                |::|
Db        338 HVKVVQLLIEHG--------------------------------AVVD------------ 353

Qy        738 LSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYG 797
                         |  : :| | :||   :::| : ||:|||| |  |: |   :  ||  |
Db        354 ----------HTCNQGATALCIAAQEGHIDVVQVLLEHGADPNHADQFGRTAMRVAAKNG 403

Qy        798 HVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLK-NQEGQTPL 856
              |  :  || || |  :: :  : :|:|   ||    | : :       |:| |  | |
Db        404 HSQIIKLLEKYGA--SSLNGCSPSPVHTMEQKPLQSLSSKV----QSLTIKSNSSGST-- 455

Qy        857 DLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSL--SAASS 914
                    |        | ||          | |:  |     | ||   || |      ||
Db        456 ---GGGD--------MQPS----------LRGL--PNGPTHAFSSPSESPDSTVDRQKSS 492

Qy        915 LDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQI 973
              | | |   |: ||: ::| |  | :     ||   |    |   :    |     |: |
Db        493 LSNNSLKSSKNSSLRTTSSTATAQT-----VPIDSFHNLSFTEQIQQHSLPRSRSRQSI 546

RESULT 6
US-10-533-519-1308
; Sequence 1308, Application US/10533519
; Publication No. US20060263774A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: CLARK,HILARY
;  APPLICANT:  SCHOENFELD,JILL
;  APPLICANT:  VANLOOKEREN,MENNO
;  APPLICANT:  WILLIAMS,P. MICKEY
;  APPLICANT:  WOOD,WILLIAM I.
;  APPLICANT:  WU,THOMAS D.
;  TITLE OF INVENTION: COMPOSITIONS AND METHODSF OR THE TREATMENT OF IMMUNE
;  TITLE OF INVENTION:  RELATED DISEASES
;  FILE REFERENCE: P1984R1 US
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/533,519
;  CURRENT FILING DATE:  2005-04-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/US03/34312
;  PRIOR FILING DATE: 2003-10-30
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/423,394
;  PRIOR FILING DATE: 2002-11-01
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 2517
; SEQ ID NO 1308
;   LENGTH: 685
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapien
US-10-533-519-1308

  Query Match              7.8%;  Score 505.5;  DB 6;  Length 685;
  Best Local Similarity   24.0%;  Pred. No. 2.8e-24;
  Matches  195;  Conservative   92;  Mismatches  264;  Indels  263;  Gaps   19;

Qy        104 EACRNGDVERVKRLVTPEKVNSRDTAGRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDD 163
              || : | :| || |:     |   |     | | :|   |  || : ||| ||::  ::|
Db          2 EASQEGHLELVKYLLA-SGANVHATTATGDTALTYACENGHTDVADVLLQAGADLDKQED 60

Qy        164 -------------------GGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPN-ARDNWNYTPLH 203
                                 ||  ||  |   ||   |  |:  ||: | |  | ::| :
Db         61 MKTILEGIDPAKHQEHESEGGRTPLMKAARAGHLCTVQFLISKGANVNRATANNDHTVVS 120

Qy        204 EAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTAL---------------------DLADPSA 242
               |   | : |  :|| |||:|| |  || | |                      |: |:
Db        121 LACAGGHLAVVELLLAHGADPTHRLKDGSTMLIEAAKGGHTNVVSYLLDYPNNVLSVPTT 180

Qy        243 KAVLTGEYKKDELLESARSGNE--------EKMMALLTPLNVN-------CHASDGRKST 287
                       :|:  |  |:  |        :| ::   |   |       |   :    |
Db        181 DVSQLPPPSQDQSQEPDRTSQENSPALLGVQKAVSTRVPTGSNSSSQTTECLTPESCSQT 240

Qy        288 PLHLAAG-----YNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGA 342
                ::|:      |  | :         | | :   |   |  ||: || |:  :|:   |
Db        241 TSNVASQSMPPVYPSVDV---------DAHTESNHD-TALTLACAGGHEELVSVLIARDA 290

Qy        343 CVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAY 402
               :   |   ||||  ||:   | |  :||  | |
Db        291 KIEHRDKKGFTPLILAATAGHVGVVEILLDKGGD-------------------------- 324

Qy        403 EFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLR 462
                     ::|  |                    :| :| |  | :     |::: :|||
Db        325 -------IEAQSE--------------------RTKDTPLSLACSG---GRQEVVDLLLA 354

Qy        463 KGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNAL--DNLGQTSLHRAAYCGHL 520
              :|||   :     ||| :|:   : :::::::   |::|:     || : |  ||  ||:
Db        355 RGANKEHRNVSDYTPLSLAASGGYVNIIKILLNAGAEINSRTGSKLGISPLMLAAMNGHV 414

Qy        521 QTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVE 580
                 :|||  | | |
Db        415 PAVKLLLDMGSDIN---------------------------------------------- 428

Qy        581 TVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNA 640
                             ||  ::| |  |   |  ||  ||   |:|  : | || ||  |
Db        429 ---------------AQIETNRNTALTLACFQGRAEVVSLLLDRKANVEHRAKTGLTPLMEA 475

Qy        641 CSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADL--WKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRD 698
               | |: ||  :|:  || ||   :   : | |  || || |: |:||:  ||    :|:
Db        476 ASGGYAEVGRVLLDKGADVNAPPVPSSRDTALTIAADKGHYKFCELLIHRGAHIDVRNKK 535

Qy        699 GNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLH 758
              ||||| |  :|
Db        536 GNTPLWLASNG------------------------------------------------- 546

Qy        759 LAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIK----------- 807
                    : :| : |:| ||||:| |   : || :|   ||| |   |:|
Db        547 -----GHFDVVQLLVQAGADVDAADNRKITPLMSAFRKGHVKVVQYLVKEVNQFPSDIEC 601

Qy        808 --YNACVNATDKWAFTPLHEAAQ---KGRTQLCA 836
                | | :  |||      |:  :   | : |  |
Db        602 MRYIATI--TDKELLKKCHQCVETIVKAKDQQAA 633
```

```
RESULT 7
US-11-375-615-56
; Sequence 56, Application US/11375615
; Publication No. US20060188974A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: PLOWMAN, GREGORY D.
;  APPLICANT:  WHYTE, DAVID
;  APPLICANT:  MANNING, GERARD
;  APPLICANT:  SUDARSANAM, SUCHA
;  APPLICANT:  MARTINEZ, RICARDO
;  TITLE OF INVENTION: NOVEL HUMAN PROTEIN KINASES AND PROTEIN KINASE-LIKE
;  TITLE OF INVENTION:  ENZYMES
;  FILE REFERENCE: 038602/1366
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/375,615
;  CURRENT FILING DATE:  2006-03-15
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/182,243
;  PRIOR FILING DATE: 2003-07-07
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/US01/02337
;  PRIOR FILING DATE: 2001-01-25
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 84
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 56
;   LENGTH: 765
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-375-615-56

  Query Match              7.4%;  Score 478;  DB 7;  Length 765;
  Best Local Similarity   24.5%;  Pred. No. 1.9e-22;
  Matches  160;  Conservative   79;  Mismatches  225;  Indels  190;  Gaps   10;

Qy         58 LLLRLLALLLAVAAARIMSGRRCAGGGAACASA---AAEAVEPAARELFEACRNGDVERV 114
              :|| ||   :||  :: :: :       :|  :     |  |  ::|| ::     ::|
Db        287 ILLSLLQSRVAVPESKALARK------VSCKLSLRQPGEVNEDISQELMDSDSGNYLKRA 340

Qy        115 KRLVTPEKVNSRDTA----GRKSTPLHFAAGFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLH 170
               :|   : :  ||        | |||||    |  : |  || :  :|  :   |  ||
Db        341 LQLSDRKNLVPRDEELCIYENKVTPLHFLVAQGSVEQVRLLLAHEVDVDCQTASGYTPLL 400

Qy        171 NACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTD 230
               |      ::  ||| |||| |  |   : ||| ||  |      :|| |||    :  :
Db        401 IAAQDQQPDLCALLLAHGADANRVDEDGWAPLHFAAQNGDDGTARLLLDHGACVDAQERE 460

Qy        231 GRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLT--PLNVNCHASDGRKSTP 288
              | | | |                     |   | | :  ||     : | | ::|:  ||
Db        461 GWTPLHL---------------------AAQNNFENVARLLVSRQADPNLHEAEGK--TP 497

Qy        289 LHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMD 348
              ||:|| :  | :|:||   ||:: |: :    ||| |   |     : |:| ||  :|:|
Db        498 LHVAAYFGHVSLVKLLTSQGAELDAQQRNLRTPLHLAVERGKVRAIQHLLKSGAVPDALD 557

Qy        349 LWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHS 408
                 : ||| ||:: :  :| :|| |||
Db        558 QSGYGPLHTAAARGKYLICKMLLRYGA--------------------------------- 584

Qy        409 LLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANIN 468
                               |||:
Db        585 -----------------SLEL--------------------------------------- 588

Qy        469 EKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLS 528
                | :  ||||:|: | | ::: :: :  | : ||  :  | || ||  |       ||
Db        589 -PTHQGWTPLHLAAYKGHLEIIHLLAESHANMGALGAVNWTPLHLAARHGEEAVVSALLQ 647

Qy        529 YGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTV 588
               | |||    |:
Db        648 CGADPNAAEQSGW----------------------------------------------- 660

Qy        589 QSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEV 648
                           |||| |   :    |  ||:| |:|||::| |  | | |   |:  :
Db        661 -------------TPLHLAVQRSTFLSVINLLEHHANVHARNKVGWTPAHLAALKGNTAI 707

Qy        649 AELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTP 702
               ::||: || ::| |    |||  |    |  |   |   | :|:     |: |
Db          708 LKVLVEAGAQLDVQDGVSCTPLQLALRSRKQGIMSFL--EGKEPSVATLGGSKP 759


RESULT 8
US-11-317-329-3
; Sequence 3, Application US/11317329
; Publication No. US20060105413A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Nunez, Gabriel
;  APPLICANT:  Inohara, Naohiro
;  TITLE OF INVENTION: Methods and Compositions for Regulating Cellular Signaling
;  FILE REFERENCE: UM-06967
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/317,329
;  CURRENT FILING DATE:  2005-12-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/128,174
;  PRIOR FILING DATE: 2002-04-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 44
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 765
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-317-329-3

  Query Match              7.2%;  Score 465;  DB 7;  Length 765;
  Best Local Similarity   30.1%;  Pred. No. 1.3e-21;
  Matches  144;  Conservative   65;  Mismatches  181;  Indels   88;  Gaps    8;

Qy          385 KSAIDLAP----TPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 440
                | |: |:      |: :|   || |   |     :  | :::  |:           ||
Db          338 KRALQLSDRKNLVPRDEELCIYENKVTPLQFLVAQGSVEQVRLLLA-----------HEV 386

Qy          441 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 500
                 : |  || |                         ||| :|::    |:  ::: | |
Db          387 DVDCQTASGY-------------------------TPLLIAAQDQQPDLCALLLAHGADA 421

Qy          501 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 560
                | :|  |   || ||  |  :| |||| :|   :    :|:| | :  :|
Db          422 NRVDEDGWAPLHFAAQNGDDRTARLLLDHGACVDAQEREGWTPLHLAAQN---------- 471

Qy          561 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 620
                  | |   :|| : :|               | |: ||:  |||| || :  ||:|: |
Db          472 --NFENVARLLVSRQA-------------DPNLREAEGK--TPLHVAAYFGHVSLVKLLT 514

Qy          621 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 680
                  ||:: |: :    ||| |   |     : |:| ||| :  |   : ||| |||:|||
Db          515 SQGAELDAQQRNLRTPLHLAVERGKVRAIQHLLKSGAVPDALDQSGYGPLHTAAARGKYL 574

Qy          681 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 740
                |||:||::||        | ||| |                    || || |  :  | :
Db          575 ICKMLLRYGASLELPTHQGWTPLHL--------------------AAYKGHL-EIIHLLA 613

Qy          741 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 800
                  : |       : ||||||| :    |   ||| ||| || :: |  ||| |
Db          614 ESHANMGALGAVNWTPLHLAARHGEEAVVSALLQCGADPNAAEQSGWTPLHLAVQRSTFL 673

Qy          801 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL 858
                    |::::| |:| :|  :|| | || || | :  :|:  ||   :::    ||| |
Db          674 SVINLLEHHANVHARNKVGWTPAHLAALKGNTAILKVLVEAGAQLDVQDGVSCTPLQL 731


RESULT 9
US-11-317-329-34
; Sequence 34, Application US/11317329
; Publication No. US20060105413A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Nunez, Gabriel
;  APPLICANT:  Inohara, Naohiro
;  TITLE OF INVENTION: Methods and Compositions for Regulating Cellular Signaling
;  FILE REFERENCE: UM-06967
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/317,329
;  CURRENT FILING DATE:  2005-12-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/128,174
;  PRIOR FILING DATE: 2002-04-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 44
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 34
;   LENGTH: 765
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-317-329-34

  Query Match              7.2%;  Score 465;  DB 7;  Length 765;
  Best Local Similarity   30.1%;  Pred. No. 1.3e-21;
  Matches  144;  Conservative   65;  Mismatches  181;  Indels   88;  Gaps    8;

Qy          385 KSAIDLAP----TPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 440
                | |: |:      |: :|   || |   |     :  | :::  |:           ||
Db          338 KRALQLSDRKNLVPRDEELCIYENKVTPLQFLVAQGSVEQVRLLLA-----------HEV 386

Qy          441 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 500
                 : |  || |                         ||| :|::    |:  ::: | |
Db          387 DVDCQTASGY-------------------------TPLLIAAQDQQPDLCALLLAHGADA 421

Qy          501 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 560
                | :|  |   || ||  |  :| |||| :|   :    :|:| | :  :|
Db          422 NRVDEDGWAPLHFAAQNGDDRTARLLLDHGACVDAQEREGWTPLHLAAQN---------- 471

Qy          561 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 620
                  | |   :|| : :|               | |: ||:  |||| || :  ||:|: |
Db          472 --NFENVARLLVSRQA-------------DPNLREAEGK--TPLHVAAYFGHVSLVKLLT 514

Qy          621 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 680
                  ||:: |: :    ||| |   |     : |:| ||| :  |   : ||| |||:|||
Db          515 SQGAELDAQQRNLRTPLHLAVERGKVRAIQHLLKSGAVPDALDQSGYGPLHTAAARGKYL 574

Qy          681 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 740
                |||:||::||        | ||| |                    || || |  :  | :
Db          575 ICKMLLRYGASLELPTHQGWTPLHL--------------------AAYKGHL-EIIHLLA 613

Qy          741 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 800
                  : |       : ||||||| :    |   ||| ||| || :: |  ||| |
Db          614 ESHANMGALGAVNWTPLHLAARHGEEAVVSALLQCGADPNAAEQSGWTPLHLAVQRSTFL 673

Qy          801 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL 858
                    |::::| |:| :|  :|| | || || | :  :|:  ||   :::    ||| |
Db          674 SVINLLEHHANVHARNKVGWTPAHLAALKGNTAILKVLVEAGAQLDVQDGVSCTPLQL 731


RESULT 10
US-11-317-329-35
; Sequence 35, Application US/11317329
; Publication No. US20060105413A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Nunez, Gabriel
;  APPLICANT:  Inohara, Naohiro
;  TITLE OF INVENTION: Methods and Compositions for Regulating Cellular Signaling
;  FILE REFERENCE: UM-06967
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/317,329
;  CURRENT FILING DATE:  2005-12-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/128,174
;  PRIOR FILING DATE: 2002-04-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 44
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 35
;   LENGTH: 765
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-317-329-35

  Query Match              7.2%;  Score 465;  DB 7;  Length 765;
  Best Local Similarity   30.1%;  Pred. No. 1.3e-21;
  Matches  144;  Conservative   65;  Mismatches  181;  Indels   88;  Gaps    8;

Qy          385 KSAIDLAP----TPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 440
                | |: |:      |: :|   || |   |     :  | :::  |:           ||
Db          338 KRALQLSDRKNLVPRDEELCIYENKVTPLQFLVAQGSVEQVRLLLA-----------HEV 386

Qy          441 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 500
                 : |  || |                         ||| :|::    |:  ::: | |
Db          387 DVDCQTASGY-------------------------TPLLIAAQDQQPDLCALLLAHGADA 421

Qy          501 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 560
                | :|  |   || ||  |  :| |||| :|   :    :|:| | :  :|
Db          422 NRVDEDGWAPLHFAAQNGDDRTARLLLDHGACVDAQEREGWTPLHLAAQN---------- 471

Qy          561 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 620
                  | |   :|| : :|               | |: ||:  |||| || :  ||:|: |
Db          472 --NFENVARLLVSRQA-------------DPNLREAEGK--TPLHVAAYFGHVSLVKLLT 514

Qy          621 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 680
                  ||:: |: :    ||| |   |     : |:| ||| :  |   : ||| |||:|||
Db          515 SQGAELDAQQRNLRTPLHLAVERGKVRAIQHLLKSGAVPDALDQSGYGPLHTAAARGKYL 574

Qy          681 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 740
                |||:||::||        | ||| |                    || || |  :  | :
Db          575 ICKMLLRYGASLELPTHQGWTPLHL--------------------AAYKGHL-EIIHLLA 613

Qy          741 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 800
                  : |       : ||||||| :    |   ||| ||| || :: |  ||| |
Db          614 ESHANMGALGAVNWTPLHLAARHGEEAVVSALLQCGADPNAAEQSGWTPLHLAVQRSTFL 673

Qy          801 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL 858
                    |::::| |:| :|  :|| | || || | :  :|:  ||   :::    ||| |
Db          674 SVINLLEHHANVHARNKVGWTPAHLAALKGNTAILKVLVEAGAQLDVQDGVSCTPLQL 731

RESULT 11
US-11-317-329-36
; Sequence 36, Application US/11317329
; Publication No. US20060105413A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Nunez, Gabriel
;  APPLICANT:  Inohara, Naohiro
;  TITLE OF INVENTION: Methods and Compositions for Regulating Cellular Signaling
;  FILE REFERENCE: UM-06967
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/317,329
;  CURRENT FILING DATE:  2005-12-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/128,174
;  PRIOR FILING DATE: 2002-04-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 44
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 36
;   LENGTH: 765
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-317-329-36

  Query Match             7.2%;  Score 465;  DB 7;  Length 765;
  Best Local Similarity   30.1%;  Pred. No. 1.3e-21;
  Matches  144;  Conservative   65;  Mismatches  181;  Indels   88;  Gaps    8;

Qy          385 KSAIDLAP----TPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 440
                | |: |:      |: :|   || |   |     :  | :::   |:          ||
Db          338 KRALQLSDRKNLVPRDEELCIYENKVTPLQFLVAQGSVEQVRLLLA-----------HEV 386

Qy          441 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 500
                 : |  || |                         ||| :|::    |:  ::: | |
Db          387 DVDCQTASGY-------------------------TPLLIAAQDQQPDLCALLLAHGADA 421

Qy          501 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 560
                | :|  |   || ||  |  :| |||| :|   :    :|:| | :  :|
Db          422 NRVDEDGWAPLHFAAQNGDDRTARLLLDHGACVDAQEREGWTPLHLAAQN---------- 471

Qy          561 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 620
                  | |   :|| : :|               | |: ||:  |||| || :  ||:|: |
Db          472 --NFENVARLLVSRQA-------------DPNLREAEGK--TPLHVAAYFGHVSLVKLLT 514

Qy          621 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 680
                  ||:: |: :    ||| |   |     : |:| ||| :  |   : ||| |||:|||
Db          515 SQGAELDAQQRNLRTPLHLAVERGKVRAIQHLLKSGAVPDALDQSGYGPLHTAAARGKYL 574

Qy          681 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 740
                |||:||::||        | ||| |                    || || |  :  | :
Db          575 ICKMLLRYGASLELPTHQGWTPLHL--------------------AAYKGHL-EIIHLLA 613

Qy          741 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 800
                  : |       : ||||||| :    |   ||| ||| || :: |  ||| |
Db          614 ESHANMGALGAVNWTPLHLAARHGEEAVVSALLQCGADPNAAEQSGWTPLHLAVQRSTFL 673

Qy          801 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL 858
                    |::::| |:| :|  :|| | || || | :  :|:  ||   :::    ||| |
Db          674 SVINLLEHHANVHARNKVGWTPAHLAALKGNTAILKVLVEAGAQLDVQDGVSCTPLQL 731

RESULT 12
US-11-317-329-37
; Sequence 37, Application US/11317329
; Publication No. US20060105413A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Nunez, Gabriel
;  APPLICANT:  Inohara, Naohiro
;  TITLE OF INVENTION: Methods and Compositions for Regulating Cellular Signaling
;  FILE REFERENCE: UM-06967
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/317,329
;  CURRENT FILING DATE:  2005-12-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/128,174
;  PRIOR FILING DATE: 2002-04-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 44
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 37
;   LENGTH: 765
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-317-329-37

  Query Match             7.2%;  Score 465;  DB 7;  Length 765;
  Best Local Similarity   30.1%;  Pred. No. 1.3e-21;
  Matches  144;  Conservative   65;  Mismatches  181;  Indels   88;  Gaps    8;

Qy          385 KSAIDLAP----TPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 440
                | |: |:      |: :|   || |   |     :  | :::   |:          ||
Db          338 KRALQLSDRKNLVPRDEELCIYENKVTPLQFLVAQGSVEQVRLLLA-----------HEV 386

Qy          441 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 500
                 : |  || |                         ||| :|::    |:  ::: | |
Db          387 DVDCQTASGY-------------------------TPLLIAAQDQQPDLCALLLAHGADA 421

Qy          501 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 560
                | :|  |   || ||  |  :| |||| :|   :    :|:| | :  :|
Db          422 NRVDEDGWAPLHFAAQNGDDRTARLLLDHGACVDAQEREGWTPLHLAAQN---------- 471

Qy          561 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 620
                  | |   :|| : :|               | |: ||:  |||| || :  ||:|: |
Db          472 --NFENVARLLVSRQA-------------DPNLREAEGK--TPLHVAAYFGHVSLVKLLT 514

Qy          621 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 680
                  ||:: |: :    ||| |   |     : |:| ||| :  |   : ||| |||:|||
Db          515 SQGAELDAQQRNLRTPLHLAVERGKVRAIQHLLKSGAVPDALDQSGYGPLHTAAARGKYL 574

Qy          681 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 740
                |||:||::||        | ||| |                    || || |  :  | :
Db          575 ICKMLLRYGASLELPTHQGWTPLHL--------------------AAYKGHL-EIIHLLA 613

Qy          741 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 800
                  : |       : ||||||| :    |   ||| ||| || :: |  ||| |
Db          614 ESHANMGALGAVNWTPLHLAARHGEEAVVSALLQCGADPNAAEQSGWTPLHLAVQRSTFL 673

Qy          801 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL 858
                    |::::| |:| :|  :|| | || || | :  :|:  ||   :::    ||| |
Db          674 SVINLLEHHANVHARNKVGWTPAHLAALKGNTAILKVLVEAGAQLDVQDGVSCTPLQL 731
```

```
RESULT 13
US-11-317-329-38
; Sequence 38, Application US/11317329
; Publication No. US20060105413A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Nunez, Gabriel
;  APPLICANT:  Inohara, Naohiro
;  TITLE OF INVENTION: Methods and Compositions for Regulating Cellular Signaling
;  FILE REFERENCE: UM-06967
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/317,329
;  CURRENT FILING DATE:  2005-12-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/128,174
;  PRIOR FILING DATE: 2002-04-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 44
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 38
;   LENGTH: 765
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-317-329-38

  Query Match              7.2%;  Score 465;  DB 7;  Length 765;
  Best Local Similarity   30.1%;  Pred. No. 1.3e-21;
  Matches  144;  Conservative   65;  Mismatches  181;  Indels   88;  Gaps    8;

Qy        385 KSAIDLAP----TPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 440
              | |: |:      |: :|   || |   |     :  | :::  |:           ||
Db        338 KRALQLSDRKNLVPRDEELCIYENKVTPLQFLVAQGSVEQVRLLLA-----------HEV 386

Qy        441 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 500
               : |  || |                         ||| :|::    |:  ::: | |
Db        387 DVDCQTASGY-------------------------TPLLIAAQDQQPDLCALLLAHGADA 421

Qy        501 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 560
              | :|  |   || ||  |  :| |||| :|   :    :|:| | :  :|
Db        422 NRVDEDGWAPLHFAAQNGDDRTARLLLDHGACVDAQEREGWTPLHLAAQN---------- 471

Qy        561 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 620
                | |   :|| : :|               | |: ||:  |||| || :  ||:|: |
Db        472 --NFENVARLLVSRQA-------------DPNLREAEGK--TPLHVAAYFGHVSLVKLLT 514

Qy        621 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 680
                ||:: |: :    ||| |   |     : |:| ||| :  |   : ||| |||:|||
Db        515 SQGAELDAQQRNLRTPLHLAVERGKVRAIQHLLKSGAVPDALDQSGYGPLHTAAARGKYL 574

Qy        681 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 740
              |||:||::||        | ||| |                    ||`|| |  :  | :
Db        575 ICKMLLRYGASLELPTHQGWTPLHL--------------------AAYKGHL-EIIHLLA 613

Qy        741 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 800
                : |       : ||||||| :    |   ||| ||| || :: |  ||| |
Db        614 ESHANMGALGAVNWTPLHLAARHGEEAVVSALLQCGADPNAAEQSGWTPLHLAVQRSTFL 673

Qy        801 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL 858
                  |::::| |:| :|  :|| | || || | :  :|:  ||   :::    ||| |
Db        674 SVINLLEHHANVHARNKVGWTPAHLAALKGNTAILKVLVEAGAQLDVQDGVSCTPLQL 731

RESULT 14
US-11-317-329-39
; Sequence 39, Application US/11317329
; Publication No. US20060105413A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Nunez, Gabriel
;  APPLICANT:  Inohara, Naohiro
;  TITLE OF INVENTION: Methods and Compositions for Regulating Cellular Signaling
;  FILE REFERENCE: UM-06967
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/317,329
;  CURRENT FILING DATE:  2005-12-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/128,174
;  PRIOR FILING DATE: 2002-04-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 44
```

```
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 39
;   LENGTH: 765
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-317-329-39

  Query Match              7.2%;  Score 465;  DB 7;  Length 765;
  Best Local Similarity   30.1%;  Pred. No. 1.3e-21;
  Matches  144;  Conservative   65;  Mismatches  181;  Indels   88;  Gaps    8;

Qy        385 KSAIDLAP----TPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 440
              | |: |:      |: :|   || |   |     :  | :::  |:           ||
Db        338 KRALQLSDRKNLVPRDEELCIYENKVTPLQFLVAQGSVEQVRLLLA-----------HEV 386

Qy        441 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 500
               : |  || |                         ||| :|::    |:  ::: | |
Db        387 DVDCQTASGY-------------------------TPLLIAAQDQQPDLCALLLAHGADA 421

Qy        501 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 560
              | :|  |   || ||  |  :| |||| :|   :    :|:| | :  :|
Db        422 NRVDEDGWAPLHFAAQNGDDRTARLLLDHGACVDAQEREGWTPLHLAAQN---------- 471

Qy        561 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 620
                | |   :|| : :|               | |: ||:  |||| || :  ||:|: |
Db        472 --NFENVARLLVSRQA-------------DPNLREAEGK--TPLHVAAYFGHVSLVKLLT 514

Qy        621 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 680
                ||:: |: :    ||| |   |     : |:| ||| :  |   : ||| |||:|||
Db        515 SQGAELDAQQRNLRTPLHLAVERGKVRAIQHLLKSGAVPDALDQSGYGPLHTAAARGKYL 574

Qy        681 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 740
              |||:||::||        | ||| |                    || || |  :  | :
Db        575 ICKMLLRYGASLELPTHQGWTPLHL--------------------AAYKGHL-EIIHLLA 613

Qy        741 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 800
                : |       : ||||||| :    |   ||| ||| || :: |  ||| |
Db        614 ESHANMGALGAVNWTPLHLAARHGEEAVVSALLQCGADPNAAEQSGWTPLHLAVQRSTFL 673

Qy        801 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL 858
                  |::::| |:| :|  :|| | || || | :  :|:  ||   :::    ||| |
Db        674 SVINLLEHHANVHARNKVGWTPAHLAALKGNTAILKVLVEAGAQLDVQDGVSCTPLQL 731

RESULT 15
US-11-317-329-40
; Sequence 40, Application US/11317329
; Publication No. US20060105413A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Nunez, Gabriel
;  APPLICANT:  Inohara, Naohiro
;  TITLE OF INVENTION: Methods and Compositions for Regulating Cellular Signaling
;  FILE REFERENCE: UM-06967
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/317,329
;  CURRENT FILING DATE:  2005-12-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/128,174
;  PRIOR FILING DATE: 2002-04-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 44
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 40
;   LENGTH: 765
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-11-317-329-40

  Query Match              7.2%;  Score 465;  DB 7;  Length 765;
  Best Local Similarity   30.1%;  Pred. No. 1.3e-21;
  Matches  144;  Conservative   65;  Mismatches  181;  Indels   88;  Gaps    8;

Qy        385 KSAIDLAP----TPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 440
              | |: |:      |: :|   || |   |     :  | :::  |:           ||
Db        338 KRALQLSDRKNLVPRDEELCIYENKVTPLQFLVAQGSVEQVRLLLA-----------HEV 386
```

```
Qy       441 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 500
              : |  || |                         ||| :|::    |:  ::: | |
Db       387 DVDCQTASGY-------------------------TPLLIAAQDQQPDLCALLLAHGADA 421

Qy       501 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 560
             | :|  |   || ||  |  :| |||| :|   :    :|:| | :  :|
Db       422 NRVDEDGWAPLHFAAQNGDDRTARLLLDHGACVDAQEREGWTPLHLAAQN---------- 471

Qy       561 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 620
               | |   :|| : :|               | |: ||:  |||| || :  ||:|: |
Db       472 --NFENVARLLVSRQA-------------DPNLREAEGK--TPLHVAAYFGHVSLVKLLT 514

Qy       621 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 680
               ||:: |: :    ||| |   |     : |:| ||| :  |   : ||| |||:|||
Db       515 SQGAELDAQQRNLRTPLHLAVERGKVRAIQHLLKSGAVPDALDQSGYGPLHTAAARGKYL 574

Qy       681 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 740
             |||:||::||        | ||| |                    || || |  :  | :
Db       575 ICKMLLRYGASLELPTHQGWTPLHL--------------------AAYKGHL-EIIHLLA 613

Qy       741 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 800
               : |       : ||||||| :    |   ||| ||| || :: |  ||| |
Db       614 ESHANMGALGAVNWTPLHLAARHGEEAVVSALLQCGADPNAAEQSGWTPLHLAVQRSTFL 673

Qy       801 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDL 858
                 |::::| |:| :|  :|| | || || | :  :|:  ||   :::    ||| |
Db       674 SVINLLEHHANVHARNKVGWTPAHLAALKGNTAILKVLVEAGAQLDVQDGVSCTPLQL 731

Search completed: December 18, 2006, 18:01:15
Job time : 45.3471 secs
```